

(19)



Europäisches Patentamt

European Patent Office

Office européen des brevets



(11)

EP 0 698 102 B1

(12)

EUROPÄISCHE PATENTSCHRIFT

(45) Veröffentlichungstag und Bekanntmachung des
Hinweises auf die Patenterteilung:
01.03.2006 Patentblatt 2006/09

(51) Int Cl.:
C12N 15/53^(2006.01) C12N 9/04^(2006.01)
C12Q 1/60^(2006.01)

(21) Anmeldenummer: **94915569.1**

(86) Internationale Anmeldenummer:
PCT/EP1994/001394

(22) Anmeldetag: **02.05.1994**

(87) Internationale Veröffentlichungsnummer:
WO 1994/025603 (10.11.1994 Gazette 1994/25)

(54) **CHOLESTERINOXIDASE AUS BREVIBACTERIUM STEROLICUM**
CHOLESTEROL-OXIDASE FROM BREVIBACTERIUM STEROLICUM
CHOLESTEROL-OXYDASE DU BREVIBACTERIUM STEROLICUM

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LI LU NL PT SE

(56) Entgegenhaltungen:
EP-A- 0 452 112 EP-A- 0 560 983

(30) Priorität: **05.05.1993 DE 4314793**
09.12.1993 DE 4342012

(43) Veröffentlichungstag der Anmeldung:
28.02.1996 Patentblatt 1996/09

(73) Patentinhaber: **Roche Diagnostics GmbH**
68305 Mannheim (DE)

(72) Erfinder: **JARSCH, Michael**
D-83670 Bad Heilbrunn (DE)

- GENE. Bd. 103 , 1991 , AMSTERDAM NL Seiten 93 - 96 T. OHTA ET AL 'Sequence of gene choB encoding cholesterol oxidase of Brevibacterium sterolicum: comparison with choA of Streptomyces sp. SA-COO' in der Anmeldung erwähnt
- BIOSCIENCE, BIOTECHNOLOGY, AND BIOCHEMISTRY Bd. 56, Nr. 11 , November 1992 Seiten 1786 - 1791 T. OHTA ET AL 'Hyperexpression and analysis of choB encoding cholesterol oxidase of Brevibacterium sterolicum in Escherichia coli and Streptomyces lividans' in der Anmeldung erwähnt

Anmerkung: Innerhalb von neun Monaten nach der Bekanntmachung des Hinweises auf die Erteilung des europäischen Patents kann jedermann beim Europäischen Patentamt gegen das erteilte europäische Patent Einspruch einlegen. Der Einspruch ist schriftlich einzureichen und zu begründen. Er gilt erst als eingelegt, wenn die Einspruchsgebühr entrichtet worden ist. (Art. 99(1) Europäisches Patentübereinkommen).

EP 0 698 102 B1

Beschreibung

[0001] Die Erfindung betrifft eine Cholesterinoxidase aus *Brevibacterium sterolicum*, ein Verfahren zur Herstellung einer rekombinanten Cholesterinoxidase aus *Brevibacterium sterolicum*, eine für dieses Verfahren geeignete DNA-Sequenz, welche eine zytoplasmatische Expression der rekombinanten Cholesterinoxidase im Wirtsbakterium bewirkt, sowie die so erhältliche rekombinante Cholesterinoxidase.

[0002] Für die enzymatische Bestimmung von Cholesterin ist die Cholesterinoxidase von großer Bedeutung. Sie katalysiert die Oxidation von Cholesterin zu Cholesten-3-on und H_2O_2 . Cholesterinoxidase aus verschiedenen Organismen wie *Pseudomonas*, *Mycobacterium*, *Nocardia*, *Arthrobacter* und *Brevibacterium* sind bereits beschrieben worden (T. Uwajima et al., *Agr. Biol. Chem.* 37 (1973), 2345 - 2350). Alle diese bekannten Cholesterinoxidasen sind sezernierte Proteine. Das Bodenbakterium *Brevibacterium sterolicum* KY 3643 (ATCC 21387) zeigt eine besonders hohe Aktivität der Cholesterinoxidase. Aus diesem Bakterium sind drei Isoenzyme der Cholesterinoxidase bekannt, die sich in ihrem isoelektrischen Punkt, der Substratspezifität gegenüber verschiedenen Steroiden, der Affinität gegenüber Cholesterin im pH-Optimum und der DNA bzw. Aminosäuresequenz unterscheiden (EP-A 0 452 112 und EP-A 560 983). Die Cholesterinoxidase I aus *Brevibacterium sterolicum* zeigt eine geringe Affinität zu Cholesterin (K_M $1,1 \times 10^{-3}$ mol/l) und ist aus *Brevibacterium sterolicum* nur in geringer Ausbeute erhältlich. Die Expression einer kompletten für die Cholesterinoxidase I kodierenden DNA in *E. coli* wurde bereits versucht, ist jedoch bislang nicht gelungen (K. Fujishiro et al., *Biochem. Biophys. Res. Com.* 172 (1990), 721 - 727, T. Ohta et al., *Gene* 103 (1991), 93 - 96). Auch die Expression spezieller Deletionsmutanten der für die Cholesterinoxidase I kodierenden DNA, welche mit Teilen des lac z Gens fusioniert wurden, führte zu keiner befriedigenden Expression in *E. coli* (T. Ohta et al., *Biosci. Biotech. Biochem.* 56 (1992), 1786 - 1791). In der EP-A 0 452 112 wird die Klonierung und Expression von weiteren Cholesterinoxidasen aus *Brevibacterium sterolicum* beschrieben. Die Expression dieser DNAs führt jedoch ebenfalls nicht zu einer ausreichenden Menge an aktiver Cholesterinoxidase.

[0003] Aufgabe der Erfindung war es, eine Cholesterinoxidase mit hoher Affinität zu Cholesterin in großen Mengen und in aktiver Form zur Verfügung zu stellen.

[0004] Diese Aufgabe wird gelöst durch eine Cholesterinoxidase, welche die in SEQ ID NO 2 gezeigte Aminosäuresequenz aufweist. Diese Cholesterinoxidase ist aus *Brevibacterium sterolicum* erhältlich oder auch rekombinant herstellbar.

[0005] Es hat sich überraschenderweise gezeigt, daß eine derartige Cholesterinoxidase rekombinant in großer Menge und in aktiver Form hergestellt werden kann. Diese Cholesterinoxidase weist ein Molekulargewicht von 60 kD, einen isoelektrischen Punkt von ca. 5,5 (jeweils gemessen im Phast-System, Pharmacia-LKB) sowie einen K_M -Wert für Cholesterin von 1×10^{-4} mol/l (in 0,5 mol/l Kaliumphosphatpuffer pH 7,5 bei 25°C) auf und ist in einem pH-Bereich von 5,5 bis 8,0 wirksam.

[0006] Es hat sich gezeigt, daß diese Cholesterinoxidase in großer Menge in aktiver Form erhalten werden kann, wenn für eine heterologe Expression eine DNA verwendet wird, welche für ein Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität kodiert mit der in SEQ ID NO 1 gezeigten DNA-Sequenz oder der dazu komplementären DNA-Sequenz.

[0007] Vorzugsweise wird eine DNA verwendet, welche die in SEQ ID NO 1 gezeigte Sequenz aufweist. In dem Fachmann geläufiger Weise können jedoch degenerierte Codons durch andere Codons, welche für die gleiche Aminosäure kodieren, ersetzt werden. Zusätzlich soll die verwendete DNA eine der in SEQ ID NO 3, 4 und/oder 5 gezeigten DNA-Sequenzen aufweisen und für ein Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität kodieren. Unter einem Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität ist ein solches Peptid zu verstehen, welches die Oxidation von Cholesterin (5-Cholesten-3- β -ol) zu 4-Cholesten-3-on und H_2O_2 katalysiert.

[0008] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist daher eine DNA, welche für ein Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität kodiert mit der in SEQ ID NO 1 gezeigten DNA-Sequenz oder der dazu komplementären DNA-Sequenz.

[0009] Mit einer solchen DNA kann eine mindestens 10fach höhere Aktivität der rekombinant hergestellten Cholesterinoxidase im Rohextrakt erhalten werden als mit den bislang beschriebenen Verfahren und Cholesterinoxidasen.

[0010] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung einer rekombinanten Cholesterinoxidase durch Transformation einer geeigneten Wirtszelle mit einer erfindungsgemäßen DNA, welche in einem geeigneten Expressionssystem vorliegt, Kultivierung der transformierten Wirtszellen und Isolierung der gebildeten Cholesterinoxidase aus dem Zytoplasma der transformierten Zellen.

[0011] Mit diesem Verfahren ist es überraschenderweise möglich, eine rekombinante Cholesterinoxidase in großer Menge und aktiver Form aus dem Zytoplasma der transformierten Wirtszelle zu erhalten. Dabei kann die verwendete DNA am 5'-Ende eine zusätzliche Nukleotidsequenz enthalten, die ein Translations-Startcodon, jedoch kein Stopcodon aufweist, wobei diese zusätzliche Nukleotidsequenz nicht zu einer Leserasterverschiebung führt und keine für die Sekretion des gebildeten rekombinanten Enzyms funktionell aktive Signalsequenz darstellt. Die Länge dieser Nukleotidsequenz beträgt etwa 3 bis 90 Basenpaare.

[0012] Vorzugsweise weist die zusätzliche Nukleotidsequenz eine der in den Sequenzprotokollen 6, 8, 10, 12, 14 und 16 gezeigten Sequenzen anstelle der nativen Signalsequenz auf.

[0013] Ein bevorzugter Gegenstand der Erfindung ist daher ein Verfahren zur Herstellung einer rekombinanten Cholesterinoxidase, wobei eine erfindungsgemäße DNA verwendet wird, welche am 5'-Ende eine der in SEQ ID NO 6, 8, 10, 12, 14 oder 16 gezeigten Sequenzen aufweist.

[0014] Die Transformation der für die rekombinante Herstellung verwendeten Wirtszellen erfolgt nach bekannten Verfahren (siehe z.B. Sambrook, Fritsch und Maniatis, "Molecular Cloning, A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor 1989). Die transformierten Wirtszellen werden dann unter Bedingungen kultiviert, die eine Expression des Cholesterinoxidase-Gens erlauben. Je nach dem verwendeten Expressionsvektor ist hierfür in bekannter Weise gegebenenfalls die Zugabe eines Induktors (z.B. Lactose oder Isopropyl- β -D-thiogalactopyranosid (IPTG)) zum Kulturmedium, eine Temperaturerhöhung oder eine limitierte Glucosezufuhr zweckmäßig. Die Isolierung der rekombinanten Cholesterinoxidase aus dem Zytoplasma der transformierten Zellen erfolgt dann nach bekannten Verfahren.

[0015] Mit diesem Verfahren ist es möglich, die erfindungsgemäße Cholesterinoxidase als rekombinantes Enzym in einer Ausbeute von 8 - 20 U/ml zu erhalten. Die Expression des vollständigen Cholesterinoxidase-Gens, welches die Signalsequenz enthält, ergibt dagegen lediglich eine Ausbeute von unter 0,1 U/ml.

[0016] Ein bevorzugter Gegenstand der Erfindung ist eine erfindungsgemäße, für ein Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität kodierende DNA, welche am 5'-Ende eine der in SEQ ID NO 6, 8, 10, 12, 14 und 16 gezeigten Sequenzen aufweist. Besonders bevorzugt sind die in den Sequenzprotokollen 18, 20, 22, 24, 26 und 29 gezeigten Sequenzen. Vorzugsweise liegen diese erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen in einem Expressionsvektor kloniert vor. Mit Hilfe dieser DNA kann die erfindungsgemäße Cholesterinoxidase in beliebigen Mengen in den für die rekombinante Herstellung von Proteinen üblicherweise verwendeten Bakterien gewonnen werden. Vorzugsweise erfolgt die Expression in *E. coli*.

[0017] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist daher eine rekombinante Cholesterinoxidase, welche von einer erfindungsgemäßen DNA kodiert wird und am N-terminalen Ende eine der in SEQ ID NO 7, 9, 11, 13, 15 oder 17 gezeigten Aminosäuresequenzen aufweist.

[0018] Diese rekombinante Cholesterinoxidase ist für einen enzymatischen Test zur Bestimmung von Cholesterin ebenso geeignet wie die übrigen aus dem Stand der Technik bekannten Cholesterinoxidasen. Falls erforderlich können in dem Fachmann geläufiger Weise durch in-vitro-Mutagenese zwischen diesen N-terminalen Sequenzen und der Aminosäuresequenz der reifen Cholesterin-oxidase Erkennungssequenzen für spezifische Proteasen wie z.B. der IgA-Protease, der Enterokinase oder des Faktors Xa integriert werden, so daß auch nach der zytoplasmatischen Expression der um diese N-terminalen Sequenzen verlängerten Cholesterinoxidase eine Abspaltung solcher anfusionierter N-terminaler Sequenzen möglich ist.

[0019] Ein bevorzugter Gegenstand der Erfindung ist eine rekombinante Cholesterinoxidase, welche die in SEQ ID NO 21, 23, 25, 27 oder 29 gezeigte Aminosäuresequenz aufweist, sowie die Verwendung einer solchen rekombinanten Cholesterinoxidase in einem enzymatischen Test zum Nachweis von Cholesterin. Dabei wird vorzugsweise das in der Cholesterinoxidasereaktion gebildete H_2O_2 in einer nachgeschalteten Indikatorreaktion als Maß für das in der Probe vorhandene Cholesterin bestimmt.

[0020] Die in den Beispielen genannten Plasmide pUC-Chol-B2-BB (DSM 8274), pmgl-SphI (DSM 8272) und pfl-20AT1-SD (DSM 8273) wurden am 05.05.1993 bei der Deutschen Sammlung für Zellkulturen und Mikroorganismen GmbH, Mascheroder Weg 1b, D - 3300 Braunschweig hinterlegt.

[0021] Die Anmeldung wird durch die folgenden Beispiele in Verbindungen mit den Sequenzprotokollen und Figuren näher erläutert.

- | | |
|----------------------|---|
| SEQ ID NO 1 | zeigt die Nukleinsäuresequenz der erfindungsgemäßen Cholesterinoxidase. |
| 45 SEQ ID NO 2 | zeigt die Aminosäuresequenz der erfindungsgemäßen Cholesterinoxidase. |
| SEQ ID NO 3 - 5 | zeigen Nukleotidsequenzen aus erfindungsgemäßen, für ein Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität kodierenden DNA's. |
| 50 SEQ ID NO 6 - 17 | zeigen die N-terminalen Sequenzen der erfindungsgemäßen rekombinanten Cholesterinoxidasene (SEQ ID NO 6, 8, 10, 12, 14 und 16) bzw. der dazugehörigen N-terminalen Aminosäuresequenzen (SEQ ID NO 7, 9, 11, 13, 15 und 17). |
| 55 SEQ ID NO 18 - 29 | zeigen die Nukleinsäuresequenzen und dazugehörigen Aminosäuresequenzen von erfindungsgemäßen rekombinanten Cholesterinoxidasen. |

[0022] Dabei bedeuten:

Signalsequenz	vollständige Sequenz	Konstrukt
SEQ ID NO 6-7	SEQ ID NO 18-19	plac-Chol-cyt
SEQ ID NO 8-9	SEQ ID NO 20-21	ppfl-Chol-cyt
SEQ ID NO 10-11	SEQ ID NO 22-23	ppfl-MSN3H-Chol-cyt
SEQ ID NO 12-13	SEQ ID NO 24-25	ppfl-MSN4H-Chol-cyt
SEQ ID NO 14-15	SEQ ID NO 26-27	ppfl-MSN4R2K-Chol-cyt
SEQ ID NO 16-17	SEQ ID NO 28-29	ppfl-MVM3H-Chol-cyt

SEQ ID NO 30 - 33 zeigen vier Oligonukleotide für die Amplifikation eines Fragments des erfindungsgemäßen Cholesterinoxidase-Gens.

SEQ ID NO 34 zeigt die Sequenz eines Adapteroligonukleotids für die in vitro-Mutagenese des Cholesterinoxidase-Gens gemäß Beispiel 5.

Fig. 1 zeigt das Plasmid pUC-Chol-B2-BB.

Fig. 2 zeigt das Plasmid plac-Chol-cyt.

Fig. 3 zeigt das Plasmid ppfl-Chol-cyt.

Fig. 4 zeigt das Plasmid ppfl-MSN3H-Chol-cyt.

Beispiel 1

Klonierung des Gens für Cholesterinoxidase aus *Brevibacterium sterolicum*

[0023] *Brevibacterium sterolicum* (BMTU 2407) wird in 500 ml "nutrient broth" (Difco) 20 h bei 30°C angezüchtet. Die Zellen werden durch Zentrifugation geerntet. Die so gewonnene Zellmasse wird in 20 mmol/l Tris/HCl pH 8,0 zu 0,4 g Zell-Naßgewicht/ml resuspendiert. 2,5 ml dieser Suspension werden mit 5 ml 24 % (w/v) Polyethylenglycol 6000, 2,5 ml 20 mmol/l Tris/HCl pH 8,0 und 10 mg Lysozym versetzt und 14 h bei 4°C inkubiert. Dann erfolgt die Lyse der Zellen durch Zugabe von 1 ml 20 % (w/v) SDS und 2 mg Protease K und Inkubation für 1 h bei 37°C. Diese Lösung wird mit dem gleichen Volumen 20 mmol/l Tris/HCl pH 8,0 versetzt und dann pro ml 1 g CsCl sowie 0,8 mg Ethidiumbromid zugegeben. Diese Lösung wird durch Ultrazentrifugation 24 h bei 40.000 Upm in einem TV850 Vertikal-Rotor (DuPont) aufgetrennt. Die DNA-Bande wird dann mit einer Injektionsspritze abgezogen. Die Entfernung des Ethidiumbromids und Ethanol-Fällung der DNA erfolgt wie bei Sambrook et al., Molecular Cloning, A Laboratory Manual (1989) beschrieben.

[0024] 7 µg der so gewonnenen DNA werden partiell mit der Restriktionsendonuklease NlaIII (New England Biolab) geschnitten, auf einem 0,8 % Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt und ein Größenbereich von ca. 2 - 12 kb ausgeschnitten. Die DNA-Fragmente werden aus dem Gel isoliert, mit SphI geschnitten und anschließend in einen mit alkalischer Phosphatase aus Kälberdarm behandelten Plasmidvektor pUC19 ligiert. Dieser Ligationsansatz wird in kompetente *E. coli* K12 XL1-blue (Stratagene, Katalog-Nr. 200268) transformiert. Die transformierten Zellen werden auf Agarplatten mit LB-Medium, das 100 µg/ml Ampicillin enthält, ausplattiert und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die hochgewachsenen Kolonien werden auf Nitrocellulosefilter (Schleicher und Schüll) übertragen, durch Behandlung mit Toluol/Chloroform-Dampf lysiert und die Filter mit der Kolonieseite auf Indikatorplatten (s.u.) übertragen. Auf diesen Indikatorplatten erfolgt der Nachweis auf eine Cholesterinoxidase-Aktivität durch 15- bis 30-minütige Inkubation bei Raumtemperatur.

[0025] Klone, die eine Farbreaktion zeigen, werden ausgewählt und isoliert. Zur Kontrolle werden diese *E. coli*-Klone auf einer Agarplatte mit LB-Medium, das 100 µg/ml Ampicillin enthält, ausgestrichen, über Nacht bei 37°C inkubiert, die angewachsenen Kolonien zur Verifizierung nochmals auf zwei verschiedene Nitrocellulosefilter transferiert und wie oben beschrieben mit Toluol/Chloroformdampf aufgeschlossen. Ein Filter wird wieder auf eine der oben beschriebenen Indikatorplatten aufgelegt, der andere Falter auf eine Indikatorplatte ohne Cholesterin. Eine positive Farbreaktion zeigt sich nur auf den kompletten Indikatorplatten mit dem Substrat Cholesterin. Damit wird nachgewiesen, daß die durch den entsprechenden *E. coli*-Klon hervorgerufene Farbreaktion tatsächlich durch aktive Cholesterinoxidase verursacht wird.

Herstellung der Indikatorplatten:

[0026] Für den Plattentest zur Bestimmung von Cholesterinoxidase-Aktivität werden 100 ml 2%ige low-melting-point-Agarose (Sea Plaque BIOzym 50113) aufgeschmolzen und bei einer Temperatur von 42°C eine vorgewärmte Lösung von:

- 48 mg 4-Aminoantipyrin (Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 073474)
- 306 mg EST (N-Ethyl-N-sulfoethyl-3-methylanilinkaliumsalz (Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 586854))
- 2,5 mg Meerrettichperoxidase Reinheitsgrad II (ca. 260 U/mg (Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 005096))
- 60 µl Natriumazidlösung (20%ig)
- 10 ml 1 mol/l Kaliumphosphat pH 7,2
- 150 mg Cholsäurenatriumsalz (Merck, Katalog-Nr. 12448)
- 10 ml Cholesterinsubstratlösung (s. u.)
- H₂O ad 100 ml

zu der aufgeschmolzenen Agarose gegeben, vorsichtig gemischt, jeweils 10 ml in Petrischalen gegossen und zur Aufbewahrung dunkel gehalten.

Cholesterinsubstratlösung:

[0027] 500 mg Cholesterin (Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 121312) werden in 12,5 ml 1-Propanol (Merck, Katalog-Nr. 997) gelöst, nach Zugabe von 10 g Thesit (Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 006190) gut gemischt und H₂O ad 100 ml zugegeben. Die Substratlösung kann bei Raumtemperatur mehrere Monate aufbewahrt werden.

Beispiel 2**Charakterisierung des Cholesterinoxidase-Gens**

[0028] Das Plasmid eines gemäß Beispiel 1 erhaltenen Klons (pUC-Chol-B2) wird nach Standardmethoden isoliert und einer Restriktionskartierung mit den Restriktionsendonukleasen BamHI, EcoRI, KpnI, XhoI, PstI unterzogen. Es zeigt sich, daß ein DNA-Fragment aus dem Genom von Brevibacterium in der Größe von ca. 5,5 kb in dem Plasmid pUC-Chol-B2 inseriert ist. Durch Subklonierung verschiedener Teilfragmente dieses 5,5 kb-Stückes und anschließender Bestimmung der Cholesterin-oxidase-Aktivität der erhaltenen E. coli-Klone kann das Cholesterinoxidase-Gen auf ein BamHI-Fragment von 2,3 kb-Größe eingeengt werden. Das Plasmid mit diesem Fragment wird pUC-Chol-B2-BB genannt (Fig. 1). Die DNA-Sequenz dieses Fragmentes wird bestimmt und auf einem Leseraster, das für Cholesterinoxidase kodiert, hin untersucht. Die Sequenz dieses Leserahmens für die reife Cholesterinoxidase ist in SEQ ID NO 1 wiedergegeben.

Beispiel 3**Konstruktion eines Plasmids zur Expression des Cholesterinoxidase-Gens mit heterologer Signalsequenz**

[0029] Ein Vergleich der N-terminalen Aminosäuresequenz von Cholesterinoxidase, die aus Brevibacterium isoliert wurde, mit dem gesamten für Cholesterinoxidase kodierenden Leseraster von pUC-Chol-B2-BB zeigt, daß im reifen Protein die ersten 52 kodierten Aminosäuren der Gensequenz fehlen. Diese 52 Aminosäuren zeigen die Struktur einer typischen Exportsignalsequenz gram-positiver Prokaryonten (von Heijne, Biochim. Biophys. Acta 947 (1988), 307 - 333). Für die Konstruktion von rekombinanten Cholesterinoxidase-Genen, bei denen diese Signalsequenz gegen andere Sequenzen ersetzt ist, wird zunächst ein 387 bp großes DNA-Fragment aus dem Plasmid pUC-Chol-B2-BB unter Verwendung der in SEQ ID NO 30 und 31 gezeigten Oligonukleotide mittels PCR amplifiziert. Dieses Fragment enthält den für den N-terminalen Teil der reifen Oxidase kodierenden Bereich mit einer neuen SphI-Schnittstelle direkt vor dem N-Terminus der Aminosäuresequenz des reifen Enzyms. Dieses PCR-Fragment wird mit SphI und PstI gespalten und zusammen mit einem PstI EcoRI-Fragment aus pUC-Chol-B2-BB, das den restlichen Anteil des Cholesterinoxidase-Gens enthält, in den mit SphI und EcoRI gespaltenen Expressionsvektor pmgISphI ligiert und so der Vektor pmgI-Chol-SB erhalten. In diesem Vektor enthält das Cholesterinoxidase-Gen eine in E. coli funktionelle Signalsequenz aus Salmonella typhimurium (beschrieben in WO 88/093773).

Beispiel 4**Konstruktion eines Plasmids zur Expression des Cholesterin-oxidase-Gens ohne Signalpeptid-kodierende Sequenz unter Kontrolle des lacUV5-Promotors**

5

[0030] Aus dem Plasmid pmgl-Chol-SB wird durch Behandlung mit den Restriktionsendonukleasen SphI und BamBI ein DNA-Fragment von ca. 1,85 kb Größe herausgeschnitten, das den gesamten Anteil der kodierenden Sequenz der reifen Cholesterinoxidase, aber nicht die für das Signal-Peptid kodierende Sequenz enthält. Dieses Fragment wird in den vorher mit SphI und BamBI geschnittenen Plasmidvektor pUC19 eingesetzt. In dem so erhaltenen Plasmid plac-Chol-cyt liegt das Cholesterin-oxidase-Gen im korrekten Leseraster an die ersten zehn Codons des lacZ'-Gens aus pUC19 anfusioniert vor und liegt unter der Kontrolle des lacUV5-Promotors (Fig. 2).

10

Beispiel 5

15

Konstruktion eines Plasmids zur Expression des Cholesterin-oxidase-Gens ohne Signalpeptid-kodierende Sequenz unter Kontrolle des sauerstoffregulierten pfl-Promotors

[0031] Durch PCR-Technik wird aus dem Plasmid plac_Chol_cyt unter Verwendung der in SEQ ID NO 32 und 33 dargestellten Oligonukleotide ein DNA-Fragment von 432 bp Größe erzeugt, das vor dem ATG-Startcodon eine ClaI-Schnittstelle enthält. Dieses PCR-Fragment wird mit ClaI und PstI geschnitten. Durch Behandlung mit den Restriktionsendonukleasen PstI und BamHI wird aus dem Plasmid plac-Chol-cyt weiterhin ein Fragment mit dem restlichen C-terminalen Anteil des Cholesterinoxidase-Gens herausgeschnitten. Beide Fragmente werden simultan in den mit BamHI und ClaI gespaltenen Expressionsvektor pfl 20AT1-SD einligiert. Das korrekte Ligationsprodukt enthält nun den Leseraster der reifen Cholesterinoxidase anfusioniert an die ersten zehn Codons des lacZ'-Gens aus pUC19 unter der Kontrolle des sauerstoffregulierten pfl-Promotors (Fig. 3). Dieses Plasmid trägt die Bezeichnung ppfl-Chol-cyt.

20

25

Beispiel 6**Konstruktion eines Plasmids zur Expression des Cholesterin-oxidase-Gens mit alternativer N-terminaler Fusionssequenz**

30

[0032] Zur Entfernung der im 3' untranslatierten Bereich des Cholesterinoxidase-Gens gelegenen SphI-Schnittstelle des Plasmids ppfl-Chol-cyt wird die Plasmid-DNA mit SmaI und EcoRV geschnitten und wieder religiert. 100 ng des so entstandenen Plasmids ppfl-Chol-cyt-Aterm werden dann mit den Restriktionsenzymen ClaI und SphI gespalten. Das entstandene 4,76 kb große DNA-Fragment wird in low-melting-point Agarose elektrophoretisch aufgetrennt, ausgeschnitten und eluiert (Glassmilk®-Kit, Bio 101). 100ng des so gereinigten DNA-Fragments werden mit 50 pmol eines Adapter-Oligonukleotids mit der in SEQ ID NO 34 dargestellten Sequenz (wobei "N" eine äquimolare Mischung aller 4 Basen bedeutet) versetzt und 2 Stunden bei 37°C mit T4-DNA-Ligase behandelt. Anschließend wird der Ansatz mit einer Mischung aus 4 dNTP's (Endkonz. 0,125 mmol/l) versetzt und 40 Minuten bei 37°C mit Klenow-DNA-Polymerase behandelt. Die so erhaltene Plasmid-DNA wird in E. coli XL1-blue (Stratagene) transformiert. Mit Hilfe des in Beispiel 1 beschriebenen Kolonie-Aktivitätstest werden einzelne Kolonien von erhaltenen Klonen bezüglich ihrer Cholesterinoxidase-Aktivität verglichen. Klone mit hoher Cholesterinoxidase-Aktivität werden isoliert und die Plasmid-DNA durch Restriktionsanalyse und DNA-Sequenzierung charakterisiert. Für das Plasmid eines Klons mit besonders hoher Cholesterinoxidase-Aktivität wird die Sequenz SEQ ID NO 23 ermittelt. Das betreffende Plasmid wird ppfl-MSN3H-Chol-cyt-Aterm genannt. Es ist zu erwarten, daß in der dargestellten Art und Weise nach Isolierung und Charakterisierung genügend vieler verschiedener Klone auch noch weitere für eine besonders hohe Expression geeignete Klone gefunden werden können. Zur Wiedervervollständigung des 3'-untranslatierten Anteils wird das Plasmid ppfl-MSN3H-Chol-cyt-Aterm mit ClaI und XhoI geschnitten. Ein DNA-Fragment von ca. 1,1kb mit der Translationsinitiationsregion und dem N-terminalen Anteil des Cholesterinoxidase-Gens wird isoliert und in das ebenfalls mit ClaI und XhoI geschnittene Plasmid ppfl-Chol-cyt einligiert (Fig. 4). Das erhaltene Plasmid trägt die Bezeichnung ppfl-MSN3H-Chol-cyt.

35

40

45

50

Beispiel 7**Vergleich der Bildung von Cholesterinoxidase durch die verschiedenen Expressionsplasmide in E. coli**

55

[0033] Die Plasmide pUC-Chol-B2, pUC-Chol-B2-BB, pmgl-Chol-SB, plac-Chol-cyt, ppfl-Chol-cyt, ppfl-MSN3H-Chol-cyt werden jeweils in E. coli K12 XL1-blue transformiert. Zum Vergleich der gebildeten Enzymmenge werden die Klone jeweils 15 Stunden bei 30°C in LB-Medium, das 200 µg/ml Ampicillin und folgende weiteren Zusätze

enthält, angezogen:

Klone mit den Plasmiden pUC-Chol-B2, pUC-Chol-B2-BB, plac-Chol-cyt, bei denen das Cholesterinoxidase-Gen jeweils unter der Kontrolle des lacUV5-Promotors steht, bekommen zusätzlich 1 mmol/l IPTG, der Klon mit dem Plasmid pmgl-Chol-SB mit dem Glucose-reprimierten mgl-Promotor erhält keinen weiteren Zusatz, Klone mit den Plasmiden ppfl-Chol-cyt, ppfl-MSN3H-Chol-cyt mit dem sauerstoffregulierten pfl-Promotor erhalten 0,4% Glucose und werden in Stickstoff begasten verschlossenen Serumflaschen angezogen, wobei das Medium mit KOH auf pH 7,0 eingestellt wurde. Nach erfolgter Anzucht wird die erreichte Zelldichte durch photometrische Messung der Trübung bei 420 nm bestimmt. Die Zellen von 1 ml Kulturbrühe werden dann durch Zentrifugation in einer Mikrozentrifuge bei 10.000 g sedimentiert und wieder in 0,5 ml H₂O bidest resuspendiert. Der Zellaufschluß erfolgt durch 2 x 30 Sekunden Ultraschallbehandlung (Branson Sonifier, Modell 450, Standard-Microtip, Konisch). Die so erhaltenen Zellextrakte werden nach entsprechender Verdünnung in den folgenden Enzymtest eingesetzt: Hierzu werden in Quartz-Küvetten pipettiert: 3 ml Kaliumphosphatpuffer (0,5 mol/l, pH 7,5), der 0,4 % Thesit® (Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 006190) enthält, 0,1 ml Cholesterinlösung (0,4 % Cholesterin, 10 % 1-Propanol, 10 % Thesit®), 0,02 ml H₂O₂ (0,49 mol/l in bidest. Wasser), es wird gemischt, nach Zugabe von 0,02 ml Katalase (aus Rinderleber, 20 mg Protein/ml, spezifische Aktivität ca. 65.000 U/mg, Boehringer Mannheim GmbH, Katalog-Nr. 0156744 unmittelbar vor Messung mit eiskaltem Kaliumphosphatpuffer, der 0,4 % Thesit enthält, auf 0,075 - 0,15 U/ml verdünnt) erneut gemischt, die Lösung auf eine Temperatur von 25°C gebracht und anschließend die Reaktion durch Zugabe von 0,05 ml Probelösung gestartet. Nach vorsichtigem Mischen wird die Absorptionsänderung bei 240 nm verfolgt und die Aktivität der Cholesterinoxidase aus dem linearen Bereich der Absorptionskurve ermittelt:

$$\text{Aktivität} = \frac{3,19}{\epsilon \times 240 \times 0,05 \times 1} \Delta A \text{ min. (U/ml Probelösung)}$$

wobei $\epsilon \times 240 = 15,5 \text{ mmol}^{-1} \times 1 \times \text{cm}^{-1}$ ist.

[0034] Die erhaltenen Werte für Zelldichte und Enzymaktivität sind in Tabelle 1 dargestellt.

Tabelle 1

Klon/Plasmid	Zelldichte (E 420)	Units je Zelldichte	Units pro ml
pUC-Chol-B2	7,0	0,007	0,049
pUC-Chol-B2-BB	8,4	0,068	0,571
pmgl-Chol-SB	1,3	0,014	0,018
plac-Chol-cyt	8,6	0,725	6,235
ppfl-Chol-cyt	1,25	1,675	2,094
ppfl-MSN3H-Chol-cyt	3,7	1,463	5,413

[0035] Die erhaltenen Ergebnisse zeigen, daß mit solchen Konstrukten, die eine zytoplasmatische Expression der Cholesterinoxidase bewirken, eine deutlich höhere Aktivität der rekombinant hergestellten Cholesterinoxidase erhalten werden kann als mit solchen Konstrukten, die zu einer Sekretion der rekombinant hergestellten Cholesterinoxidase führen.

SEQUENZPROTOKOLL

[0036]

(1) ALGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: Boehringer Mannheim GmbH

(B) STRASSE: Sandhofer Str. 116
(C) ORT: Mannheim
(E) LAND: Deutschland
(F) POSTLEITZAHL: D - 6800

5

(ii) ANMELDETITEL: Cholesterinoxidase aus Brevibacterium sterolicum

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 34

10

(iv) COMPUTER-LESBARE FORM:

(A) DATENTRÄGER: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPA)

15

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

20

(A) LANGE: 1683 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) ART DES MOLEKÜLS: DNS (genomisch)

(ix) MERKMALE:

30

(A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
(B) LAGE: 1..1683

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

35

40

45

50

55

5	TCG ACC GGG CCG GTC GCG CCG CTT CCG ACG CCG CCG AAC TTC CCG AAC Ser Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn 1 5 10 15	48
10	GAC ATC GCG CTG TTC CAG CAG GCG TAC CAG AAC TGG TCC AAG GAG ATC Asp Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile 20 25 30	96
15	ATG CTG GAC GCC ACT TGG GTC TGC TCG CCC AAG ACG CCG CAG GAT GTC Met Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val 35 40 45	144
20	GTT CGC CTT GCC AAC TGG GCG CAC GAG CAC GAC TAC AAG ATC CGC CCG Val Arg Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro 50 55 60	192
25	CGC GGC GCG ATG CAC GGC TGG ACC CCG CTC ACC GTG GAG AAG GGG GCC Arg Gly Ala Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala 65 70 75 80	240
30	AAC GTC GAG AAG GTG ATC CTC GCC GAC ACG ATG ACG CAT CTG AAC GGC Asn Val Glu Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly 85 90 95	288
35	ATC ACG GTG AAC ACG GGC GGC CCC GTG GCT ACC GTC ACC GCC GGT GCC Ile Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala 100 105 110	336
40	GGC GCC AGC ATC GAG GCG ATC GTC ACC GAA CTG CAG AAG CAC GAC CTC Gly Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu 115 120 125	384
45	GGC TGG GCC AAC CTG CCC GCT CCG GGT GTG CTG TCG ATC GGT GGC GCC Gly Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala 130 135 140	432
50	CTT GCG GTC AAC GCG CAC GGT GCG GCG CTG CCG GCC GTC GGC CAG ACC Leu Ala Val Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr 145 150 155 160	480
55	ACG CTG CCC GGT CAC ACC TAC GGT TCG CTG AGC AAC CTG GTC ACC GAG Thr Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu 165 170 175	528
60	CTG ACC GCG GTC GTC TGG AAC GGC ACC ACC TAC GCA CTC GAG ACG TAC Leu Thr Ala Val Val Trp Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr 180 185 190	576
65	CAG CGC AAC GAT CCT CGG ATC ACC CCA CTG CTC ACC AAC CTC GGG CGC Gln Arg Asn Asp Pro Arg Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg 195 200 205	624
70	TGC TTC CTG ACC TCG GTG ACG ATG CAG GCC GGC CCC AAC TTC CGT CAG Cys Phe Leu Thr Ser Val Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln 210 215 220	672
75	CGG TGC CAG AGC TAC ACC GAC ATC CCG TGG CGG GAA CTG TTC GCG CCG Arg Cys Gln Ser Tyr Thr Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro 225 230 235 240	720

	AAG GGC GCC GAC GGC CGC ACG TTC GAG AAG TTC GTC GCG GAA TCG GGC	768
	Lys Gly Ala Asp Gly Arg Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly	
	245 250 255	
5	GGC GCC GAG GCG ATC TGG TAC CCG TTC ACC GAG AAG CCG TGG ATG AAG	816
	Gly Ala Glu Ala Ile Trp Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys	
	260 265 270	
10	GTG TGG ACG GTC TCG CCG ACC AAG CCG GAC TCG TCG AAC GAG GTC GGA	864
	Val Trp Thr Val Ser Pro Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly	
	275 280 285	
15	AGC CTC GGC TCG GCG GGC TCC CTC GTC GGC AAG CCT CCG CAG GCG CGT	912
	Ser Leu Gly Ser Ala Gly Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg	
	290 295 300	
20	GAG GTC TCC GGC CCG TAC AAC TAC ATC TTC TCC GAC AAC CTG CCG GAG	960
	Glu Val Ser Gly Pro Tyr Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu	
	305 310 315 320	
25	CCC ATC ACC GAC ATG ATC GGC GCC ATC AAC GCC GGA AAC CCC GGA ATC	1008
	Pro Ile Thr Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile	
	325 330 335	
30	GCA CCG CTG TTC GGC CCG GCG ATG TAC GAG ATC ACC AAG CTC GGG CTG	1056
	Ala Pro Leu Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu	
	340 345 350	
35	GCC GCG ACG AAT GCC AAC GAC ATC TGG GGC TGG TCG AAG GAC GTC CAG	1104
	Ala Ala Thr Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln	
	355 360 365	
40	TTC TAC ATC AAG GCC ACG ACG TTG CGA CTC ACC GAG GGC GGC GGC GCC	1152
	Phe Tyr Ile Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala	
	370 375 380	
45	GTC GTC ACG AGC CGC GCC AAC ATC GCG ACC GTG ATC AAC GAC TTC ACC	1200
	Val Val Thr Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr	
	385 390 395 400	
50	GAG TGG TTC CAC GAG CGC ATC GAG TTC TAC CGC GCG AAG GGC GAG TTC	1248
	Glu Trp Phe His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe	
	405 410 415	
55	CCG CTC AAC GGT CCG GTC GAG ATC CGC TGC TGC GGG CTC GAT CAG GCA	1296
	Pro Leu Asn Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala	
	420 425 430	
60	GCC GAC GTC AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG GCG ACC	1344
	Ala Asp Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr	
	435 440 445	
65	CGT CCG CGT CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG CTG AAC	1392
	Arg Pro Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn	
	450 455 460	
70	GTT CTC GGT GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC CGC GAG	1440
	Val Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu	
	465 470 475 480	
75	ATG GAG CAG TGG ATG CGG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC ACC TTC	1488
	Met Glu Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe	
	485 490 495	

5 CCG CCC GAG TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG TAC ACC 1536
 Arg Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr
 500 505 510
 10 GAC AAC GAC ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC GAA GGT 1584
 Asp Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly
 515 520 525
 15 GTC CCG ACG ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CCG TAC AAC CAG 1632
 Val Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln
 530 535 540
 20 ATC GAC CCG CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG CTG CTT 1680
 Ile Asp Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu
 545 550 555 560
 25 CCG 1683
 Pro

20 (2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

25 (A) LANGE: 561 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

30 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

35

40

45

50

55

Ser Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn
 1 5 10 15
 5 Asp Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile
 20 25 30
 Met Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val
 35 40 45
 10 Val Arg Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro
 50 55 60
 Arg Gly Ala Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala
 65 70 75 80
 15 Asn Val Glu Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly
 85 90 95
 Ile Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala
 100 105 110
 20 Gly Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu
 115 120 125
 Gly Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala
 130 135 140
 25 Leu Ala Val Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr
 145 150 155 160
 Thr Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu
 165 170 175
 30 Leu Thr Ala Val Val Trp Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr
 180 185 190
 Gln Arg Asn Asp Pro Arg Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg
 195 200 205
 35 Cys Phe Leu Thr Ser Val Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln
 210 215 220
 Arg Cys Gln Ser Tyr Thr Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro
 225 230 235 240
 Lys Gly Ala Asp Gly Arg Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly
 245 250 255
 45 Gly Ala Glu Ala Ile Trp Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys
 260 265 270

50

55

Val Trp Thr Val Ser Pro Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly
 275 280 285
 5 Ser Leu Gly Ser Ala Gly Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg
 290 295 300
 Glu Val Ser Gly Pro Tyr Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu
 305 310 315 320
 10 Pro Ile Thr Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile
 325 330 335
 Ala Pro Leu Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu
 340 345 350
 15 Ala Ala Thr Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln
 355 360 365
 Phe Tyr Ile Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala
 370 375 380
 20 Val Val Thr Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr
 385 390 395 400
 Glu Trp Phe His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe
 405 410 415
 25 Pro Leu Asn Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala
 420 425 430
 Ala Asp Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr
 435 440 445
 30 Arg Pro Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn
 450 455 460
 Val Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu
 465 470 475 480
 35 Met Glu Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe
 485 490 495
 40 Arg Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr
 500 505 510
 Asp Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly
 515 520 525
 45 Val Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln
 530 535 540
 Ile Asp Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu
 545 550 555 560
 50 Pro

55 (2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 48 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

TTCCCGCTCA ACGGTCCGGT CGAGATCCGC TGCTGCGGGC TCGATCAG

48

10

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

15

- (A) LÄNGE: 48 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

GCGATCTGGC TGAACGTTCT CGGTGTTCCG GGCACCCCCG GCATGTTC

48

25

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

30

- (A) LÄNGE: 36 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

GACGCCACCT TCCGGCCCGA GTGGTCGAAG GGGTGG

36

40

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

45

- (A) LANGE: 46 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
- (B) LAGE: 17..46

55

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CACACAGGAA ACAGCT ATG ACC ATG ATT ACG CCA AGC TTG CAT GCC
 Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala
 1 5 10

46

5

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

10

- (A) LÄNGE: 10 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) ART DES KOLEKULS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala
 1 5 10

20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

25

- (A) LÄNGE: 49 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLUSSEL: CDS
- (B) LÄGE: 20..49

35

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

GAATTTAAGG GGAACATCG ATG ACC ATG ATT ACG CCA AGC TTG CAT GCC
 Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala
 1 5 10

40

49

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

45

- (A) LÄNGE: 10 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala
 1 5 10

55

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
(B) LÄGE: 20..43

15 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

GAATTTAAGG GGAACATCG ATG AGT AAT CAC CAT GGG CAT GCC 43
Met Ser Asn His His Gly His Ala
1 5

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- 25 (A) LÄNGE: 8 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein
(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

Met Ser Asn His His Gly His Ala
1 5

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- 40 (A) LÄNGE: 45 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ix) MERKMALE:

- 50 (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
(B) LÄGE: 19..45

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

AAATTTGGAGG GGAACATT ATG AGT AAT CAT CAC CAT GGG CAT GCC 45
Met Ser Asn His His Gly His Ala
1 5

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- 5 (A) LÄNGE: 9 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

- 10 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

Met Ser Asn His His His Gly His Ala
1 5

15

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- 20 (A) LANGE: 58 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
(B) LAGE: 20..58

- 30 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

GAATTTAAGG GGAACATCG ATG AGT AAT ACG CGT AAA CGC AAG CGC CGT ACG 52
Met Ser Asn Thr Arg Lys Arg Lys Arg Arg Thr
1 5 10
35
CAT GCC 58
His Ala

40 (2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- 45 (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

- 50 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

Met Ser Asn Thr Arg Lys Arg Lys Arg Arg Thr His Ala
1 5 10

55

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LANGE: 48 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
- (B) LAGE: 25..48

10

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

15

GAATTCACAC AGGAAACAGA ATTC ATG GTT ATG CAC CAT GGG CAT GCC
Met Val Met His His Gly His Ala
1 5

48

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 17:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LANGE: 8 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein
- (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

30

Met Val Met His His Gly His Ala
1 5

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 18:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LANGE: 1729 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
- (B) LAGE: 17..1729

45

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

50

55

	CACACAGGAA ACAGCT ATG ACC ATG ATT ACG CCA AGC TTG CAT GCC TCG	49
	Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala Ser	
	1 5 10	
5	ACC GGG CCG GTC GCG CCG CTT CCG ACG CCG CCG AAC TTC CCG AAC GAC	97
	Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp	
	15 20 25	
10	ATC GCG CTG TTC CAG CAG GCG TAC CAG AAC TGG TCC AAG GAG ATC ATG	145
	Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met	
	30 35 40	
15	CTG GAC GCC ACT TGG GTC TGC TCG CCC AAG ACG CCG CAG GAT GTC GTT	193
	Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val	
	45 50 55	
20	CGC CTT GCC AAC TGG GCG CAC GAG CAC GAC TAC AAG ATC CGC CCG CGC	241
	Arg Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg	
	60 65 70 75	
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		

	GGC GCG ATG CAC GGC TGG ACC CCG CTC ACC GTG GAG AAG GGG GCC AAC	289
	Gly Ala Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn	
	80 85 90	
5	GTC GAG AAG GTG ATC CTC GCC GAC ACG ATG ACG CAT CTG AAC GGC ATC	337
	Val Glu Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile	
	95 100 105	
10	ACG GTG AAC ACG GGC GGC CCC GTG GCT ACC GTC ACC GCC GGT GCC GGC	385
	Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly	
	110 115 120	
	GCC AGC ATC GAG GCG ATC GTC ACC GAA CTG CAG AAG CAC GAC CTC GGC	433
	Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly	
	125 130 135	
15	TGG GCC AAC CTG CCC GCT CCG GGT GTG CTG TCG ATC GGT GGC GCC CTT	481
	Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu	
	140 145 150 155	
20	GCG GTC AAC GCG CAC GGT GCG GCG CTG CCG GCC GTC GGC CAG ACC ACG	529
	Ala Val Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr	
	160 165 170	
	CTG CCC GGT CAC ACC TAC GGT TCG CTG AGC AAC CTG GTC ACC GAG CTG	577
	Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu	
	175 180 185	
25	ACC GCG GTC GTC TGG AAC GGC ACC ACC TAC GCA CTC GAG ACG TAC CAG	625
	Thr Ala Val Val Trp Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln	
	190 195 200	
30	CGC AAC GAT CCT CGG ATC ACC CCA CTG CTC ACC AAC CTC GGG CGC TGC	673
	Arg Asn Asp Pro Arg Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys	
	205 210 215	
35	TTC CTG ACC TCG GTG ACG ATG CAG GCC GGC CCC AAC TTC CGT CAG CGG	721
	Phe Leu Thr Ser Val Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg	
	220 225 230 235	
	TGC CAG AGC TAC ACC GAC ATC CCG TGG CCG GAA CTG TTC GCG CCG AAG	769
	Cys Gln Ser Tyr Thr Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys	
	240 245 250	
40	GGC GCC GAC GGC CGC ACG TTC GAG AAG TTC GTC GCG GAA TCG GGC GGC	817
	Gly Ala Asp Gly Arg Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly	
	255 260 265	
45	GCC GAG GCG ATC TGG TAC CCG TTC ACC GAG AAG CCG TGG ATG AAG GTG	865
	Ala Glu Ala Ile Trp Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val	
	270 275 280	
	TGG ACG GTC TCG CCG ACC AAG CCG GAC TCG TCG AAC GAG GTC GGA AGC	913
	Trp Thr Val Ser Pro Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser	
	285 290 295	
50	CTC GGC TCG GCG GGC TCC CTC GTC GGC AAG CCT CCG CAG GCG CGT GAG	961
	Leu Gly Ser Ala Gly Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu	
	300 305 310 315	
55	GTC TCC GGC CCG TAC AAC TAC ATC TTC TCC GAC AAC CTG CCG GAG CCC	1009
	Val Ser Gly Pro Tyr Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro	
	320 325 330	

5	ATC ACC GAC ATG ATC GGC GCC ATC AAC GCC GGA AAC CCC GGA ATC GCA Ile Thr Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala 335 340 345	1057
10	CCG CTG TTC GGC CCG GCG ATG TAC GAG ATC ACC AAG CTC GGG CTG GCC Pro Leu Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala 350 355 360	1105
15	GCG ACG AAT GCC AAC GAC ATC TGG GGC TGG TCG AAG GAC GTC CAG TTC Ala Thr Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe 365 370 375	1153
20	TAC ATC AAG GCC ACG ACG TTG CGA CTC ACC GAG GGC GGC GGC GCC GTC Tyr Ile Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val 380 385 390 395	1201
25	GTC ACG AGC CGC GCC AAC ATC GCG ACC GTG ATC AAC GAC TTC ACC GAG Val Thr Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu 400 405 410	1249
30	TGG TTC CAC GAG CGC ATC GAG TTC TAC CGC GCG AAG GGC GAG TTC CCG Trp Phe His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro 415 420 425	1297
35	CTC AAC GGT CCG GTC GAG ATC CGC TGC TGC GGG CTC GAT CAG GCA GCC Leu Asn Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala 430 435 440	1345
40	GAC GTC AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG GCG ACC CGT Asp Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg 445 450 455	1393
45	CCG CGT CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG CTG AAC GTT Pro Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val 460 465 470 475	1441
50	CTC GGT GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC CGC GAG ATG Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met 480 485 490	1489
55	GAG CAG TGG ATG CGG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC ACC TTC CGG Glu Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg 495 500 505	1537
60	CCC GAG TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG TAC ACC GAC Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp 510 515 520	1585
65	AAC GAC ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC GAA GGT GTC Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val 525 530 535	1633
70	CCG ACG ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CGG TAC AAC CAG ATC Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile 540 545 550 555	1681
75	GAC CCG CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG CTG CTT CCG Asp Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro 560 565 570	1729

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LÄNGE: 571 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

10

Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala Ser Thr Gly Pro Val Ala
 1 5 10 15

15

Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp Ile Ala Leu Phe Gln
 20 25 30

Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met Leu Asp Ala Thr Trp
 35 40 45

20

Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val Arg Leu Ala Asn Trp
 50 55 60

Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg Gly Ala Met His Gly
 65 70 75 80

25

Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn Val Glu Lys Val Ile
 85 90 95

Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr Val Asn Thr Gly
 100 105 110

30

Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ser Ile Glu Ala
 115 120 125

Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp Ala Asn Leu Pro
 130 135 140

35

Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala Val Asn Ala His
 145 150 155 160

Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu Pro Gly His Thr
 165 170 175

40

Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr Ala Val Val Trp
 180 185 190

Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg Asn Asp Pro Arg
 195 200 205

45

Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe Leu Thr Ser Val
 210 215 220

Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys Gln Ser Tyr Thr
 225 230 235 240

50

Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly Ala Asp Gly Arg
 245 250 255

Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala Glu Ala Ile Trp
 260 265 270

55

Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp Thr Val Ser Pro
 275 280 285
 5 Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu Gly Ser Ala Gly
 290 295 300
 Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val Ser Gly Pro Tyr
 305 310 315 320
 10 Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile Thr Asp Met Ile
 325 330 335
 Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro Leu Phe Gly Pro
 340 345 350
 15 Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala Thr Asn Ala Asn
 355 360 365
 Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr Ile Lys Ala Thr
 370 375 380
 20 Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val Val Thr Ser Arg Ala
 385 390 395 400
 Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp Phe His Glu Arg
 405 410 415
 25 Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu Asn Gly Pro Val
 420 425 430
 Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val Lys Val Pro
 435 440 445
 30 Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg Pro Asp His
 450 455 460
 Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly Val Pro Gly
 465 470 475 480
 Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln Trp Met Arg
 485 490 495
 40 Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu Trp Ser Lys
 500 505 510
 Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp Ile Val Thr
 515 520 525
 45 Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr Thr Glu Asn
 530 535 540
 Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro His Arg Val
 545 550 555 560
 50 Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 565 570

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 20:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LÄNGE: 1732 Basenpaare

(B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ix) MERKMALE:

(A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
 (B) LAGE: 20..1732

10 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

	GAATTTAAGG GGAACATCG ATG ACC ATG ATT ACG CCA AGC TTG CAT GCC TCG	52
	Met Thr Met Ile Thr Pro Ser Leu His Ala Ser	
15	1 5 10	
	ACC GGG CCG GTC GCG CCG CTT CCG ACG CCG CCG AAC TTC CCG AAC GAC	100
	Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp	
	15 20 25	
20	ATC GCG CTG TTC CAG CAG GCG TAC CAG AAC TGG TCC AAG GAG ATC ATG	148
	Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met	
	30 35 40	
	CTG GAC GCC ACT TGG GTC TGC TCG CCC AAG ACG CCG CAG GAT GTC GTT	196
25	Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val	
	45 50 55	
	CGC CTT GCC AAC TGG GCG CAC GAG CAC GAC TAC AAG ATC CGC CCG CGC	244
	Arg Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg	
	60 65 70 75	
30	GGC GCG ATG CAC GGC TGG ACC CCG CTC ACC GTG GAG AAG GGG GCC AAC	292
	Gly Ala Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn	
	80 85 90	
	GTC GAG AAG GTG ATC CTC GCC GAC ACG ATG ACG CAT CTG AAC GGC ATC	340
35	Val Glu Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile	
	95 100 105	
	ACG GTG AAC ACG GGC GGC CCC GTG GCT ACC GTC ACC GCC GGT GCC GGC	388
	Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly	
	110 115 120	
40	GCC AGC ATC GAG GCG ATC GTC ACC GAA CTG CAG AAG CAC GAC CTC GGC	436
	Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly	
	125 130 135	
	TGG GCC AAC CTG CCC GCT CCG GGT GTG CTG TCG ATC GGT GGC GCC CTT	484
45	Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu	
	140 145 150 155	
	GCG GTC AAC GCG CAC GGT GCG GCG CTG CCG GCC GTC GGC CAG ACC ACG	532
	Ala Val Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr	
	160 165 170	
50	CTG CCC GGT CAC ACC TAC GGT TCG CTG AGC AAC CTG GTC ACC GAG CTG	580
	Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu	
	175 180 185	

55

	ACC	GCG	GTC	GTC	TGG	AAC	GGC	ACC	ACC	TAC	GCA	CTC	GAG	ACG	TAC	CAG	628
	Thr	Ala	Val	Val	Trp	Asn	Gly	Thr	Thr	Tyr	Ala	Leu	Glu	Thr	Tyr	Gln	
			190				195					200					
5	CGC	AAC	GAT	CCT	CGG	ATC	ACC	CCA	CTG	CTC	ACC	AAC	CTC	GGG	CGC	TGC	676
	Arg	Asn	Asp	Pro	Arg	Ile	Thr	Pro	Leu	Leu	Thr	Asn	Leu	Gly	Arg	Cys	
	205					210					215						
10	TTC	CTG	ACC	TCG	GTG	ACG	ATG	CAG	GCC	GGC	CCC	AAC	TTC	CGT	CAG	CGG	724
	Phe	Leu	Thr	Ser	Val	Thr	Met	Gln	Ala	Gly	Pro	Asn	Phe	Arg	Gln	Arg	
	220				225					230					235		
	TGC	CAG	AGC	TAC	ACC	GAC	ATC	CCG	TGG	CGG	GAA	CTG	TTC	GCG	CCG	AAG	772
	Cys	Gln	Ser	Tyr	Thr	Asp	Ile	Pro	Trp	Arg	Glu	Leu	Phe	Ala	Pro	Lys	
				240					245						250		
15	GGC	GCC	GAC	GGC	CGC	ACG	TTC	GAG	AAG	TTC	GTC	GCG	GAA	TCG	GGC	GGC	820
	Gly	Ala	Asp	Gly	Arg	Thr	Phe	Glu	Lys	Phe	Val	Ala	Glu	Ser	Gly	Gly	
			255					260					265				
20	GCC	GAG	GCG	ATC	TGG	TAC	CCG	TTC	ACC	GAG	AAG	CCG	TGG	ATG	AAG	GTG	868
	Ala	Glu	Ala	Ile	Trp	Tyr	Pro	Phe	Thr	Glu	Lys	Pro	Trp	Met	Lys	Val	
			270				275						280				
	TGG	ACG	GTC	TCG	CCG	ACC	AAG	CCG	GAC	TCG	TCG	AAC	GAG	GTC	GGA	AGC	916
	Trp	Thr	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Pro	Asp	Ser	Ser	Asn	Glu	Val	Gly	Ser	
	285					290						295					
25	CTC	GGC	TCG	GCG	GGC	TCC	CTC	GTC	GGC	AAG	CCT	CCG	CAG	GCG	CGT	GAG	964
	Leu	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Leu	Val	Gly	Lys	Pro	Pro	Gln	Ala	Arg	Glu	
	300				305					310						315	
30	GTC	TCC	GGC	CCG	TAC	AAC	TAC	ATC	TTC	TCC	GAC	AAC	CTG	CCG	GAG	CCC	1012
	Val	Ser	Gly	Pro	Tyr	Asn	Tyr	Ile	Phe	Ser	Asp	Asn	Leu	Pro	Glu	Pro	
				320					325						330		
	ATC	ACC	GAC	ATG	ATC	GGC	GCC	ATC	AAC	GCC	GGA	AAC	CCC	GGA	ATC	GCA	1060
	Ile	Thr	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ala	Gly	Asn	Pro	Gly	Ile	Ala	
			335					340					345				
35	CCG	CTG	TTC	GGC	CCG	GCG	ATG	TAC	GAG	ATC	ACC	AAG	CTC	GGG	CTG	GCC	1108
	Pro	Leu	Phe	Gly	Pro	Ala	Met	Tyr	Glu	Ile	Thr	Lys	Leu	Gly	Leu	Ala	
		350				355							360				
40	GCG	ACG	AAT	GCC	AAC	GAC	ATC	TGG	GGC	TGG	TCG	AAG	GAC	GTC	CAG	TTC	1156
	Ala	Thr	Asn	Ala	Asn	Asp	Ile	Trp	Gly	Trp	Ser	Lys	Asp	Val	Gln	Phe	
		365				370						375					
	TAC	ATC	AAG	GCC	ACG	ACG	TTG	CGA	CTC	ACC	GAG	GGC	GGC	GGC	GCC	GTC	1204
	Tyr	Ile	Lys	Ala	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Thr	Glu	Gly	Gly	Gly	Ala	Val	
	380				385					390					395		
45	GTC	ACG	AGC	CGC	GCC	AAC	ATC	GCG	ACC	GTG	ATC	AAC	GAC	TTC	ACC	GAG	1252
	Val	Thr	Ser	Arg	Ala	Asn	Ile	Ala	Thr	Val	Ile	Asn	Asp	Phe	Thr	Glu	
				400					405						410		
50	TGG	TTC	CAC	GAG	CGC	ATC	GAG	TTC	TAC	CGC	GCG	AAG	GGC	GAG	TTC	CCG	1300
	Trp	Phe	His	Glu	Arg	Ile	Glu	Phe	Tyr	Arg	Ala	Lys	Gly	Glu	Phe	Pro	
			415					420					425				
55	CTC	AAC	GGT	CCG	GTC	GAG	ATC	CGC	TGC	TGC	GGG	CTC	GAT	CAG	GCA	GCC	1348
	Leu	Asn	Gly	Pro	Val	Glu	Ile	Arg	Cys	Cys	Gly	Leu	Asp	Gln	Ala	Ala	
			430				435						440				

5	GAC GTC AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG GCG ACC CGT Asp Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg 445 450 455	1396
10	CCG CGT CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG CTG AAC GTT Pro Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val 460 465 470 475	1444
15	CTC GGT GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC CGC GAG ATG Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met 480 485 490	1492
20	GAG CAG TGG ATG CCG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC ACC TTC CGG Glu Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg 495 500 505	1540
25	CCC GAG TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG TAC ACC GAC Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp 510 515 520	1588
30	AAC GAC ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC GAA GGT GTC Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val 525 530 535	1636
35	CCG ACG ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CGG TAC AAC CAG ATC Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile 540 545 550 555	1684
40	GAC CCG CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG CTG CTT CCG Asp Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro 560 565 570	1732

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LANGE: 571 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

	Met	Thr	Met	Ile	Thr	Pro	Ser	Leu	His	Ala	Ser	Thr	Gly	Pro	Val	Ala	
	1				5					10					15		
5	Pro	Leu	Pro	Thr	Pro	Pro	Asn	Phe	Pro	Asn	Asp	Ile	Ala	Leu	Phe	Gln	
				20					25					30			
	Gln	Ala	Tyr	Gln	Asn	Trp	Ser	Lys	Glu	Ile	Met	Leu	Asp	Ala	Thr	Trp	
			35					40					45				
10	Val	Cys	Ser	Pro	Lys	Thr	Pro	Gln	Asp	Val	Val	Arg	Leu	Ala	Asn	Trp	
		50					55					60					
	Ala	His	Glu	His	Asp	Tyr	Lys	Ile	Arg	Pro	Arg	Gly	Ala	Met	His	Gly	
	65					70					75					80	
15	Trp	Thr	Pro	Leu	Thr	Val	Glu	Lys	Gly	Ala	Asn	Val	Glu	Lys	Val	Ile	
					85					90					95		

20

25

30

35

40

45

50

55

Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr Val Asn Thr Gly
 100 105 110
 5 Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ser Ile Glu Ala
 115 120 125
 Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp Ala Asn Leu Pro
 130 135 140
 10 Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala Val Asn Ala His
 145 150 155 160
 Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu Pro Gly His Thr
 165 170 175
 15 Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr Ala Val Val Trp
 180 185 190
 Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg Asn Asp Pro Arg
 195 200 205
 20 Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe Leu Thr Ser Val
 210 215 220
 Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys Gln Ser Tyr Thr
 225 230 235 240
 25 Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly Ala Asp Gly Arg
 245 250 255
 Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala Glu Ala Ile Trp
 260 265 270
 30 Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp Thr Val Ser Pro
 275 280 285
 Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu Gly Ser Ala Gly
 290 295 300
 35 Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val Ser Gly Pro Tyr
 305 310 315 320
 Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile Thr Asp Met Ile
 325 330 335
 40 Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro Leu Phe Gly Pro
 340 345 350
 Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala Thr Asn Ala Asn
 355 360 365
 45 Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr Ile Lys Ala Thr
 370 375 380
 Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val Val Thr Ser Arg Ala
 385 390 395 400
 Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp Phe His Glu Arg
 405 410 415
 55 Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu Asn Gly Pro Val
 420 425 430

5 Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val Lys Val Pro
 435 440 445
 Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg Pro Asp His
 450 455 460
 Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly Val Pro Gly
 465 470 475 480
 10 Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln Trp Met Arg
 485 490 495
 Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu Trp Ser Lys
 500 505 510
 15 Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp Ile Val Thr
 515 520 525
 Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr Thr Glu Asn
 530 535 540
 20 Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro His Arg Val
 545 550 555 560
 25 Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 565 570

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1726 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
- (B) LAGE: 20..1726

(xi) SEQUENZ BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

	GAATTTAAGG	GGAACATCG	ATG	AGT	AAT	CAC	CAT	GGG	CAT	GCC	TCG	ACC	GGG				52
			Met	Ser	Asn	His	His	Gly	His	Ala	Ser	Thr	Gly				
			1					5					10				
5	CCG	GTC	GCG	CCG	CTT	CCG	ACG	CCG	CCG	AAC	TTC	CCG	AAC	GAC	ATC	GCG	100
	Pro	Val	Ala	Pro	Leu	Pro	Thr	Pro	Pro	Asn	Phe	Pro	Asn	Asp	Ile	Ala	
			15					20						25			
	CTG	TTC	CAG	CAG	GCG	TAC	CAG	AAC	TGG	TCC	AAG	GAG	ATC	ATG	CTG	GAC	148
10	Leu	Phe	Gln	Gln	Ala	Tyr	Gln	Asn	Trp	Ser	Lys	Glu	Ile	Met	Leu	Asp	
			30					35					40				
	GCC	ACT	TGG	GTC	TGC	TCG	CCC	AAG	ACG	CCG	CAG	GAT	GTC	GTT	CGC	CTT	196
	Ala	Thr	Trp	Val	Cys	Ser	Pro	Lys	Thr	Pro	Gln	Asp	Val	Val	Arg	Leu	
		45					50					55					
15	GCC	AAC	TGG	GCG	CAC	GAG	CAC	GAC	TAC	AAG	ATC	CGC	CCG	CGC	GGC	GCG	244
	Ala	Asn	Trp	Ala	His	Glu	His	Asp	Tyr	Lys	Ile	Arg	Pro	Arg	Gly	Ala	
		60				65					70					75	
20																	
25																	
30																	
35																	
40																	
45																	
50																	
55																	

	ATG CAC GGC TGG ACC CCG CTC ACC GTG GAG AAG GGG GCC AAC GTC GAG	292
	Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn Val Glu	
	80 85 90	
5	AAG GTG ATC CTC GCC GAC ACG ATG ACG CAT CTG AAC GGC ATC ACG GTG	340
	Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr Val	
	95 100 105	
10	AAC ACG GGC GGC CCC GTG GCT ACC GTC ACC GCC GGT GCC GGC GCC AGC	388
	Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ser	
	110 115 120	
15	ATC GAG GCG ATC GTC ACC GAA CTG CAG AAG CAC GAC CTC GGC TGG GCC	436
	Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp Ala	
	125 130 135	
20	AAC CTG CCC GCT CCG GGT GTG CTG TCG ATC GGT GGC GCC CTT GCG GTC	484
	Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala Val	
	140 145 150 155	
25	AAC GCG CAC GGT GCG GCG CTG CCG GCC GTC GGC CAG ACC ACG CTG CCC	532
	Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu Pro	
	160 165 170	
30	GGT CAC ACC TAC GGT TCG CTG AGC AAC CTG GTC ACC GAG CTG ACC GCG	580
	Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr Ala	
	175 180 185	
35	GTC GTC TGG AAC GGC ACC ACC TAC GCA CTC GAG ACG TAC CAG CGC AAC	628
	Val Val Trp Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg Asn	
	190 195 200	
40	GAT CCT CCG ATC ACC CCA CTG CTC ACC AAC CTC GGG GGC TGC TTC CTG	676
	Asp Pro Arg Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe Leu	
	205 210 215	
45	ACC TCG GTG ACG ATG CAG GCC GGC CCC AAC TTC CGT CAG CGG TGC CAG	724
	Thr Ser Val Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys Gln	
	220 225 230 235	
50	AGC TAC ACC GAC ATC CCG TGG CGG GAA CTG TTC GCG CCG AAG GGC GCC	772
	Ser Tyr Thr Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly Ala	
	240 245 250	
55	GAC GGC CGC ACG TTC GAG AAG TTC GTC GCG GAA TCG GGC GGC GCC GAG	820
	Asp Gly Arg Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala Glu	
	255 260 265	
60	GCG ATC TGG TAC CCG TTC ACC GAG AAG CCG TGG ATG AAG GTG TGG ACG	868
	Ala Ile Trp Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp Thr	
	270 275 280	
65	GTC TCG CCG ACC AAG CCG GAC TCG TCG AAC GAG GTC GGA AGC CTC GGC	916
	Val Ser Pro Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu Gly	
	285 290 295	
70	TCG GCG GGC TCC CTC GTC GGC AAG CCT CCG CAG GCG CGT GAG GTC TCC	964
	Ser Ala Gly Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val Ser	
	300 305 310 315	
75	GGC CCG TAC AAC TAC ATC TTC TCC GAC AAC CTG CCG GAG CCC ATC ACC	1012
	Gly Pro Tyr Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile Thr	
	320 325 330	

5	GAC ATG ATC GGC GCC ATC AAC GCC GGA AAC CCC GGA ATC GCA CCG CTG Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro Leu 335 340 345	1060
10	TTC GGC CCG GCG ATG TAC GAG ATC ACC AAG CTC GGG CTG GCC GCG ACG Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala Thr 350 355 360	1108
15	AAT GCC AAC GAC ATC TGG GGC TGG TCG AAG GAC GTC CAG TTC TAC ATC Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr Ile 365 370 375	1156
20	AAG GCC ACG ACG TTG CGA CTC ACC GAG GGC GGC GGC GCC GTC GTC ACG Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Ala Val Val Thr 380 385 390 395	1204
25	AGC CGC GCC AAC ATC GCG ACC GTG ATC AAC GAC TTC ACC GAG TGG TTC Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp Phe 400 405 410	1252
30	CAC GAG CGC ATC GAG TTC TAC CGC GCG AAG GGC GAG TTC CCG CTC AAC His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu Asn 415 420 425	1300
35	GGT CCG GTC GAG ATC CGC TGC TGC GGG CTC GAT CAG GCA GCC GAC GTC Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val 430 435 440	1348
40	AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG GCG ACC CGT CCG CGT Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg 445 450 455	1396
45	CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG CTG AAC GTT CTC GGT Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly 460 465 470 475	1444
50	GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC CGC GAG ATG GAG CAG Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln 480 485 490	1492
55	TGG ATG CGG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC ACC TTC CGG CCC GAG Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu 495 500 505	1540
60	TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG TAC ACC GAC AAC GAC Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp 510 515 520	1588
65	ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC GAA GGT GTC CCG ACG Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr 525 530 535	1636
70	ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CGG TAC AAC CAG ATC GAC CCG Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro 540 545 550 555	1684
75	CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG CTG CTT CCG His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro 560 565	1726

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LANGE: 569 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

10 Met Ser Asn His His Gly His Ala Ser Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu
 1 5 10 15
 Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala
 20 25 30
 15 Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys
 35 40 45
 Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val Arg Leu Ala Asn Trp Ala His
 50 55 60
 20 Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg Gly Ala Met His Gly Trp Thr
 65 70 75 80
 Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn Val Glu Lys Val Ile Leu Ala
 85 90 95
 25 Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro
 100 105 110
 Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val
 115 120 125
 30 Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro
 130 135 140
 Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala Val Asn Ala His Gly Ala
 145 150 155 160
 35 Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly
 165 170 175
 Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr Ala Val Val Trp Asn Gly
 180 185 190
 40 Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg Asn Asp Pro Arg Ile Thr
 195 200 205
 Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe Leu Thr Ser Val Thr Met
 210 215 220
 45 Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys Gln Ser Tyr Thr Asp Ile
 225 230 235 240
 Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly Ala Asp Gly Arg Thr Phe
 245 250 255
 50 Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala Glu Ala Ile Trp Tyr Pro
 260 265 270

55

Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp Thr Val Ser Pro Thr Lys
 275 280 285
 5 Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu Gly Ser Ala Gly Ser Leu
 290 295 300
 Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val Ser Gly Pro Tyr Asn Tyr
 305 310 315 320
 10 Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile Thr Asp Met Ile Gly Ala
 325 330 335
 Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro Leu Phe Gly Pro Ala Met
 340 345 350
 15 Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala Thr Asn Ala Asn Asp Ile
 355 360 365
 Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr Ile Lys Ala Thr Thr Leu
 370 375 380
 20 Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val Val Thr Ser Arg Ala Asn Ile
 385 390 395 400
 Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp Phe His Glu Arg Ile Glu
 405 410 415
 25 Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu Asn Gly Pro Val Glu Ile
 420 425 430
 Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val Lys Val Pro Ser Val
 435 440 445
 30 Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg Pro Asp His Pro Asp
 450 455 460
 Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro
 465 470 475 480
 Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln Trp Met Arg Ser His
 485 490 495
 40 Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp
 500 505 510
 Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys
 515 520 525
 45 Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp
 530 535 540
 Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro His Arg Val Phe Thr
 545 550 555 560
 50 Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 565

55 (2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LÄNGE: 1728 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ix) MERKMALE:

(A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
 (B) LAGE: 19..1728

10

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

15	AATTTGGAGG GGAACATT ATG AGT AAT CAT CAC CAT GGG CAT GCC TCG ACC	51
	Met Ser Asn His His His Gly His Ala Ser Thr	
	1 5 10	
	GGG CCG GTC GCG CCG CTT CCG ACG CCG CCG AAC TTC CCG AAC GAC ATC	99
	Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp Ile	
	15 20 25	
20	GCG CTG TTC CAG CAG GCG TAC CAG AAC TGG TCC AAG GAG ATC ATG CTG	147
	Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met Leu	
	30 35 40	
25	GAC GCC ACT TGG GTC TGC TCG CCC AAG ACG CCG CAG GAT GTC GTT CGC	195
	Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val Arg	
	45 50 55	
	CTT GCC AAC TGG GCG CAC GAG CAC GAC TAC AAG ATC CGC CCG CGC GGC	243
	Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg Gly	
	60 65 70 75	
	GCG ATG CAC GGC TGG ACC CCG CTC ACC GTG GAG AAG GGG GCC AAC GTC	291
	Ala Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn Val	
	80 85 90	
35	GAG AAG GTG ATC CTC GCC GAC ACG ATG ACG CAT CTG AAC GGC ATC ACG	339
	Glu Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr	
	95 100 105	
	GTG AAC ACG GGC GGC CCC GTG GCT ACC GTC ACC GCC GGT GCC GGC GCC	387
	Val Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala	
	110 115 120	
	AGC ATC GAG GCG ATC GTC ACC GAA CTG CAG AAG CAC GAC CTC GGC TGG	435
	Ser Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp	
	125 130 135	
45	GCC AAC CTG CCC GCT CCG GGT GTG CTG TCG ATC GGT GGC GCC CTT GCG	483
	Ala Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala	
	140 145 150 155	
50	GTC AAC GCG CAC GGT GCG GCG CTG CCG GCC GTC GGC CAG ACC ACG CTG	531
	Val Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu	
	160 165 170	
	CCC GGT CAC ACC TAC GGT TCG CTG AGC AAC CTG GTC ACC GAG CTG ACC	579
	Pro Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr	
	175 180 185	

55

5	GCG GTC GTC TGG AAC GGC ACC ACC TAC GCA CTC GAG ACG TAC CAG CGC Ala Val Val Trp Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg 190 195 200	627
10	AAC GAT CCT CGG ATC ACC CCA CTG CTC ACC AAC CTC GGG CGC TGC TTC Asn Asp Pro Arg Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe 205 210 215	675
15	CTG ACC TCG GTG ACG ATG CAG GCC GGC CCC AAC TTC CGT CAG CGG TGC Leu Thr Ser Val Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys 220 225 230 235	723
20	CAG AGC TAC ACC GAC ATC CCG TGG CGG GAA CTG TTC GCG CCG AAG GGC Gln Ser Tyr Thr Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly 240 245 250	771
25	GCC GAC GGC CGC ACG TTC GAG AAG TTC GTC GCG GAA TCG GGC GGC GCC Ala Asp Gly Arg Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala 255 260 265	819
30	GAG GCG ATC TGG TAC CCG TTC ACC GAG AAG CCG TGG ATG AAG GTG TGG Glu Ala Ile Trp Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp 270 275 280	867
35	ACG GTC TCG CCG ACC AAG CCG GAC TCG TCG AAC GAG GTC GGA AGC CTC Thr Val Ser Pro Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu 285 290 295	915
40	GGC TCG GCG GGC TCC CTC GTC GGC AAG CCT CCG CAG GCG CGT GAG GTC Gly Ser Ala Gly Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val 300 305 310 315	963
45	TCC GGC CCG TAC AAC TAC ATC TTC TCC GAC AAC CTG CCG GAG CCC ATC Ser Gly Pro Tyr Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile 320 325 330	1011
50	ACC GAC ATG ATC GGC GCC ATC AAC GCC GGA AAC CCC GGA ATC GCA CCG Thr Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro 335 340 345	1059
55	CTG TTC GGC CCG GCG ATG TAC GAG ATC ACC AAG CTC GGG CTG GCC GCG Leu Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala 350 355 360	1107
60	ACG AAT GCC AAC GAC ATC TGG GGC TGG TCG AAG GAC GTC CAG TTC TAC Thr Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr 365 370 375	1155
65	ATC AAG GCC ACG ACG TTG CGA CTC ACC GAG GGC GGC GGC GCC GTC GTC Ile Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val Val 380 385 390 395	1203
70	ACG AGC CGC GCC AAC ATC GCG ACC GTG ATC AAC GAC TTC ACC GAG TGG Thr Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp 400 405 410	1251
75	TTC CAC GAG CGC ATC GAG TTC TAC CGC GCG AAG GGC GAG TTC CCG CTC Phe His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu 415 420 425	1299
80	AAC GGT CCG GTC GAG ATC CGC TGC TGC GGG CTC GAT CAG GCA GCC GAC Asn Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp 430 435 440	1347

5	GTC AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG GCG ACC CGT CCG Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro 445 450 455	1395
10	CGT CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG CTG AAC GTT CTC Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu 460 465 470 475	1443
10	GGT GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC CGC GAG ATG GAG Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu 480 485 490	1491
15	CAG TGG ATG CCG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC ACC TTC CGG CCC Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro 495 500 505	1539
20	GAG TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG TAC ACC GAC AAC Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn 510 515 520	1587
25	GAC ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC GAA GGT GTC CCG Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro 525 530 535	1635
25	ACG ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CGG TAC AAC CAG ATC GAC Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp 540 545 550 555	1683
30	CCG CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG CTG CTT CCG Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro 560 565 570	1728

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 25:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LANGE: 570 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

45

50

55

	Met	Ser	Asn	His	His	His	Gly	His	Ala	Ser	Thr	Gly	Pro	Val	Ala	Pro
	1				5					10					15	
5	Leu	Pro	Thr	Pro	Pro	Asn	Phe	Pro	Asn	Asp	Ile	Ala	Leu	Phe	Gln	Gln
				20					25					30		
	Ala	Tyr	Gln	Asn	Trp	Ser	Lys	Glu	Ile	Met	Leu	Asp	Ala	Thr	Trp	Val
			35					40					45			
10	Cys	Ser	Pro	Lys	Thr	Pro	Gln	Asp	Val	Val	Arg	Leu	Ala	Asn	Trp	Ala
		50					55					60				
	His	Glu	His	Asp	Tyr	Lys	Ile	Arg	Pro	Arg	Gly	Ala	Met	His	Gly	Trp
	65					70					75				80	
15	Thr	Pro	Leu	Thr	Val	Glu	Lys	Gly	Ala	Asn	Val	Glu	Lys	Val	Ile	Leu
					85					90					95	

20

25

30

35

40

45

50

55

	Ala	Asp	Thr	Met	Thr	His	Leu	Asn	Gly	Ile	Thr	Val	Asn	Thr	Gly	Gly	
				100					105					110			
5	Pro	Val	Ala	Thr	Val	Thr	Ala	Gly	Ala	Gly	Ala	Ser	Ile	Glu	Ala	Ile	
			115					120					125				
	Val	Thr	Glu	Leu	Gln	Lys	His	Asp	Leu	Gly	Trp	Ala	Asn	Leu	Pro	Ala	
			130				135					140					
10	Pro	Gly	Val	Leu	Ser	Ile	Gly	Gly	Ala	Leu	Ala	Val	Asn	Ala	His	Gly	
	145					150					155					160	
	Ala	Ala	Leu	Pro	Ala	Val	Gly	Gln	Thr	Thr	Leu	Pro	Gly	His	Thr	Tyr	
					165					170					175		
15	Gly	Ser	Leu	Ser	Asn	Leu	Val	Thr	Glu	Leu	Thr	Ala	Val	Val	Trp	Asn	
				180					185					190			
	Gly	Thr	Thr	Tyr	Ala	Leu	Glu	Thr	Tyr	Gln	Arg	Asn	Asp	Pro	Arg	Ile	
			195					200					205				
20	Thr	Pro	Leu	Leu	Thr	Asn	Leu	Gly	Arg	Cys	Phe	Leu	Thr	Ser	Val	Thr	
			210				215					220					
	Met	Gln	Ala	Gly	Pro	Asn	Phe	Arg	Gln	Arg	Cys	Gln	Ser	Tyr	Thr	Asp	
	225					230					235					240	
25	Ile	Pro	Trp	Arg	Glu	Leu	Phe	Ala	Pro	Lys	Gly	Ala	Asp	Gly	Arg	Thr	
					245					250					255		
	Phe	Glu	Lys	Phe	Val	Ala	Glu	Ser	Gly	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Trp	Tyr	
				260					265					270			
30	Pro	Phe	Thr	Glu	Lys	Pro	Trp	Met	Lys	Val	Trp	Thr	Val	Ser	Pro	Thr	
				275				280					285				
	Lys	Pro	Asp	Ser	Ser	Asn	Glu	Val	Gly	Ser	Leu	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	
35		290					295					300					
	Leu	Val	Gly	Lys	Pro	Pro	Gln	Ala	Arg	Glu	Val	Ser	Gly	Pro	Tyr	Asn	
	305					310					315					320	
	Tyr	Ile	Phe	Ser	Asp	Asn	Leu	Pro	Glu	Pro	Ile	Thr	Asp	Met	Ile	Gly	
40					325					330					335		
	Ala	Ile	Asn	Ala	Gly	Asn	Pro	Gly	Ile	Ala	Pro	Leu	Phe	Gly	Pro	Ala	
				340					345					350			
	Met	Tyr	Glu	Ile	Thr	Lys	Leu	Gly	Leu	Ala	Ala	Thr	Asn	Ala	Asn	Asp	
45			355					360					365				
	Ile	Trp	Gly	Trp	Ser	Lys	Asp	Val	Gln	Phe	Tyr	Ile	Lys	Ala	Thr	Thr	
		370					375					380					
	Leu	Arg	Leu	Thr	Glu	Gly	Gly	Gly	Ala	Val	Val	Thr	Ser	Arg	Ala	Asn	
50		385				390					395					400	
	Ile	Ala	Thr	Val	Ile	Asn	Asp	Phe	Thr	Glu	Trp	Phe	His	Glu	Arg	Ile	
					405					410				415			
55	Glu	Phe	Tyr	Arg	Ala	Lys	Gly	Glu	Phe	Pro	Leu	Asn	Gly	Pro	Val	Glu	
				420					425					430			

5 Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val Lys Val Pro Ser
 435 440 445
 Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg Pro Asp His Pro
 450 455 460
 10 Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly Val Pro Gly Thr
 465 470 475 480
 Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln Trp Met Arg Ser
 485 490 495
 15 His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu Trp Ser Lys Gly
 500 505 510
 Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp Ile Val Thr Asn
 515 520 525
 20 Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr Thr Glu Asn Trp
 530 535 540
 Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro His Arg Val Phe
 545 550 555 560
 25 Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 565 570

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 26:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1741 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
 40 (B) LAGE: 20..1741

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

45

50

55

	GAATTTAAGG GGAACATCG ATG AGT AAT ACG CGT AAA CGC AAG CGC CGT ACG	52
	Met Ser Asn Thr Arg Lys Arg Lys Arg Arg Thr	
	1 5 10	
5	CAT GCC TCG ACC GGG CCG GTC GCG CCG CTT CCG ACG CCG CCG AAC TTC	100
	His Ala Ser Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe	
	15 20 25	
10	CCG AAC GAC ATC GCG CTG TTC CAG CAG GCG TAC CAG AAC TGG TCC AAG	148
	Pro Asn Asp Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys	
	30 35 40	
15	GAG ATC ATG CTG GAC GCC ACT TGG GTC TGC TCG CCC AAG ACG CCG CAG	196
	Glu Ile Met Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln	
	45 50 55	
20	GAT GTC GTT CGC CTT GCC AAC TGG GCG CAC GAG CAC GAC TAC AAG ATC	244
	Asp Val Val Arg Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile	
	60 65 70 75	
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		

	CGC	CCG	CGC	GGC	GCG	ATG	CAC	GGC	TGG	ACC	CCG	CTC	ACC	GTG	GAG	AAG	292
	Arg	Pro	Arg	Gly	Ala	Met	His	Gly	Trp	Thr	Pro	Leu	Thr	Val	Glu	Lys	
				80					85						90		
5	GGG	GCC	AAC	GTC	GAG	AAG	GTG	ATC	CTC	GCC	GAC	ACG	ATG	ACG	CAT	CTG	340
	Gly	Ala	Asn	Val	Glu	Lys	Val	Ile	Leu	Ala	Asp	Thr	Met	Thr	His	Leu	
				95					100					105			
10	AAC	GGC	ATC	ACG	GTG	AAC	ACG	GGC	GGC	CCC	GTG	GCT	ACC	GTC	ACC	GCC	388
	Asn	Gly	Ile	Thr	Val	Asn	Thr	Gly	Gly	Pro	Val	Ala	Thr	Val	Thr	Ala	
				110				115						120			
	GGT	GCC	GGC	GCC	AGC	ATC	GAG	GCG	ATC	GTC	ACC	GAA	CTG	CAG	AAG	CAC	436
	Gly	Ala	Gly	Ala	Ser	Ile	Glu	Ala	Ile	Val	Thr	Glu	Leu	Gln	Lys	His	
		125					130					135					
15	GAC	CTC	GGC	TGG	GCC	AAC	CTG	CCC	GCT	CCG	GGT	GTG	CTG	TCG	ATC	GGT	484
	Asp	Leu	Gly	Trp	Ala	Asn	Leu	Pro	Ala	Pro	Gly	Val	Leu	Ser	Ile	Gly	
		140				145					150					155	
20	GGC	GCC	CTT	GCG	GTC	AAC	GCG	CAC	GGT	GCG	GCG	CTG	CCG	GCC	GTC	GGC	532
	Gly	Ala	Leu	Ala	Val	Asn	Ala	His	Gly	Ala	Ala	Leu	Pro	Ala	Val	Gly	
				160						165					170		
	CAG	ACC	ACG	CTG	CCC	GGT	CAC	ACC	TAC	GGT	TCG	CTG	AGC	AAC	CTG	GTC	580
	Gln	Thr	Thr	Leu	Pro	Gly	His	Thr	Tyr	Gly	Ser	Leu	Ser	Asn	Leu	Val	
				175					180					185			
25	ACC	GAG	CTG	ACC	GCG	GTC	GTC	TGG	AAC	GGC	ACC	ACC	TAC	GCA	CTC	GAG	628
	Thr	Glu	Leu	Thr	Ala	Val	Val	Trp	Asn	Gly	Thr	Thr	Tyr	Ala	Leu	Glu	
			190					195					200				
30	ACG	TAC	CAG	CGC	AAC	GAT	CCT	CGG	ATC	ACC	CCA	CTG	CTC	ACC	AAC	CTC	676
	Thr	Tyr	Gln	Arg	Asn	Asp	Pro	Arg	Ile	Thr	Pro	Leu	Leu	Thr	Asn	Leu	
		205					210					215					
35	GGG	CGC	TGC	TTC	CTG	ACC	TCG	GTG	ACG	ATG	CAG	GCC	GGC	CCC	AAC	TTC	724
	Gly	Arg	Cys	Phe	Leu	Thr	Ser	Val	Thr	Met	Gln	Ala	Gly	Pro	Asn	Phe	
		220				225					230					235	
	CGT	CAG	CGG	TGC	CAG	AGC	TAC	ACC	GAC	ATC	CCG	TGG	CGG	GAA	CTG	TTC	772
	Arg	Gln	Arg	Cys	Gln	Ser	Tyr	Thr	Asp	Ile	Pro	Trp	Arg	Glu	Leu	Phe	
				240					245						250		
40	GCG	CCG	AAG	GGC	GCC	GAC	GGC	CGC	ACG	TTC	GAG	AAG	TTC	GTC	GCG	GAA	820
	Ala	Pro	Lys	Gly	Ala	Asp	Gly	Arg	Thr	Phe	Glu	Lys	Phe	Val	Ala	Glu	
				255					260					265			
45	TCG	GGC	GGC	GCC	GAG	GCG	ATC	TGG	TAC	CCG	TTC	ACC	GAG	AAG	CCG	TGG	868
	Ser	Gly	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Trp	Tyr	Pro	Phe	Thr	Glu	Lys	Pro	Trp	
			270					275					280				
	ATG	AAG	GTG	TGG	ACG	GTC	TCG	CCG	ACC	AAG	CCG	GAC	TCG	TCG	AAC	GAG	916
	Met	Lys	Val	Trp	Thr	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Pro	Asp	Ser	Ser	Asn	Glu	
		285					290					295					
50	GTC	GGA	AGC	CTC	GGC	TCG	GCG	GGC	TCC	CTC	GTC	GGC	AAG	CCT	CCG	CAG	964
	Val	Gly	Ser	Leu	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Leu	Val	Gly	Lys	Pro	Pro	Gln	
		300				305					310					315	
55	GCG	CGT	GAG	GTC	TCC	GGC	CCG	TAC	AAC	TAC	ATC	TTC	TCC	GAC	AAC	CTG	1012
	Ala	Arg	Glu	Val	Ser	Gly	Pro	Tyr	Asn	Tyr	Ile	Phe	Ser	Asp	Asn	Leu	
				320						325					330		

	CCG GAG CCC ATC ACC GAC ATG ATC GGC GCC ATC AAC GCC GGA AAC CCC	1060
	Pro Glu Pro Ile Thr Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro	
	335 340 345	
5	GGA ATC GCA CCG CTG TTC GGC CCG GCG ATG TAC GAG ATC ACC AAG CTC	1108
	Gly Ile Ala Pro Leu Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu	
	350 355 360	
10	GGG CTG GCC GCG ACG AAT GCC AAC GAC ATC TGG GGC TGG TCG AAG GAC	1156
	Gly Leu Ala Ala Thr Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp	
	365 370 375	
15	GTC CAG TTC TAC ATC AAG GCC ACG ACG TTG CGA CTC ACC GAG GGC GGC	1204
	Val Gln Phe Tyr Ile Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly	
	380 385 390 395	
20	GGC GCC GTC GTC ACG AGC CGC GCC AAC ATC GCG ACC GTG ATC AAC GAC	1252
	Gly Ala Val Val Thr Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp	
	400 405 410	
25	TTC ACC GAG TGG TTC CAC GAG CGC ATC GAG TTC TAC CGC GCG AAG GGC	1300
	Phe Thr Glu Trp Phe His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly	
	415 420 425	
30	GAG TTC CCG CTC AAC GGT CCG GTC GAG ATC CGC TGC TGC GGG CTC GAT	1348
	Glu Phe Pro Leu Asn Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp	
	430 435 440	
35	CAG GCA GCC GAC GTC AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG	1396
	Gln Ala Ala Asp Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser	
	445 450 455	
40	GCG ACC CGT CCG CGT CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG	1444
	Ala Thr Arg Pro Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp	
	460 465 470 475	
45	CTG AAC GTT CTC GGT GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC	1492
	Leu Asn Val Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr	
	480 485 490	
50	CGC GAG ATG GAG CAG TGG ATG CGG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC	1540
	Arg Glu Met Glu Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala	
	495 500 505	
55	ACC TTC CGG CCC GAG TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG	1588
	Thr Phe Arg Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro	
	510 515 520	
60	TAC ACC GAC AAC GAC ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC	1636
	Tyr Thr Asp Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile	
	525 530 535	
65	GAA GGT GTC CCG ACG ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CGG TAC	1684
	Glu Gly Val Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr	
	540 545 550 555	
70	AAC CAG ATC GAC CCG CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG	1732
	Asn Gln Ile Asp Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys	
	560 565 570	
75	CTG CTT CCG	1741
	Leu Leu Pro	

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

5 (A) LANGE: 574 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein
10 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

15

20

25

30

35

40

45

50

55

Met Ser Asn Thr Arg Lys Arg Lys Arg Arg Thr His Ala Ser Thr Gly
 1 5 10 15
 5 Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp Ile Ala
 20 25 30
 Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met Leu Asp
 35 40 45
 10 Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val Arg Leu
 50 55 60
 Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg Gly Ala
 65 70 75 80
 15 Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn Val Glu
 85 90 95
 Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr Val
 100 105 110
 20 Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ser
 115 120 125
 Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp Ala
 130 135 140
 25 Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala Val
 145 150 155 160
 Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu Pro
 165 170 175
 30 Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr Ala
 180 185 190
 Val Val Trp Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg Asn
 195 200 205
 35 Asp Pro Arg Ile Thr Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe Leu
 210 215 220
 Thr Ser Val Thr Met Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys Gln
 225 230 235 240
 Ser Tyr Thr Asp Ile Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly Ala
 245 250 255
 45 Asp Gly Arg Thr Phe Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala Glu
 260 265 270

50

55

Ala Ile Trp Tyr Pro Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp Thr
 275 280 285
 5 Val Ser Pro Thr Lys Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu Gly
 290 295 300
 Ser Ala Gly Ser Leu Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val Ser
 305 310 315 320
 10 Gly Pro Tyr Asn Tyr Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile Thr
 325 330 335
 Asp Met Ile Gly Ala Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro Leu
 340 345 350
 15 Phe Gly Pro Ala Met Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala Thr
 355 360 365
 Asn Ala Asn Asp Ile Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr Ile
 370 375 380
 20 Lys Ala Thr Thr Leu Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val Val Thr
 385 390 395 400
 Ser Arg Ala Asn Ile Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp Phe
 405 410 415
 25 His Glu Arg Ile Glu Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu Asn
 420 425 430
 Gly Pro Val Glu Ile Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val
 435 440 445
 30 Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg
 450 455 460
 Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly
 465 470 475 480
 Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln
 485 490 495
 40 Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu
 500 505 510
 Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp
 515 520 525
 45 Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr
 530 535 540
 Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro
 545 550 555 560
 50 His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 565 570

55

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LÄNGE: 1731 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ix) MERKMALE:

(A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
 (B) LAGE: 25..1731

10

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

15	GAATTCACAC AGGAAACAGA ATTC ATG GTT ATG CAC CAT GGG CAT GCC TCG	51
	Met Val Met His His Gly His Ala Ser	
	1 5	
	ACC GGG CCG GTC GCG CCG CTT CCG ACG CCG CCG AAC TTC CCG AAC GAC	99
	Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp	
	10 15 20 25	
20	ATC GCG CTG TTC CAG CAG GCG TAC CAG AAC TGG TCC AAG GAG ATC ATG	147
	Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met	
	30 35 40	
25	CTG GAC GCC ACT TGG GTC TGC TCG CCC AAG ACG CCG CAG GAT GTC GTT	195
	Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val	
	45 50 55	
	CGC CTT GCC AAC TGG GCG CAC GAG CAC GAC TAC AAG ATC CGC CCG CGC	243
	Arg Leu Ala Asn Trp Ala His Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg	
	60 65 70	
30	GGC GCG ATG CAC GGC TGG ACC CCG CTC ACC GTG GAG AAG GGC GCC AAC	291
	Gly Ala Met His Gly Trp Thr Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn	
	75 80 85	
35	GTC GAG AAG GTG ATC CTC GCC GAC ACG ATG ACG CAT CTG AAC GGC ATC	339
	Val Glu Lys Val Ile Leu Ala Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile	
	90 95 100 105	
	ACG GTG AAC ACG GGC GGC CCC GTG GCT ACC GTC ACC GCC GGT GCC GGC	387
	Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly	
	110 115 120	
40	GCC AGC ATC GAG GCG ATC GTC ACC GAA CTG CAG AAG CAC GAC CTC GGC	435
	Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly	
	125 130 135	
45	TGG GCC AAC CTG CCC GCT CCG GGT GTG CTG TCG ATC GGT GGC GCC CTT	483
	Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu	
	140 145 150	
	GCG GTC AAC GCG CAC GGT GCG GCG CTG CCG GCC GTC GGC CAG ACC ACG	531
	Ala Val Asn Ala His Gly Ala Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr	
	155 160 165	
50	CTG CCC GGT CAC ACC TAC GGT TCG CTG AGC AAC CTG GTC ACC GAG CTG	579
	Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu	
	170 175 180 185	
55		

	ACC	GCG	GTC	GTC	TGG	AAC	GGC	ACC	ACC	TAC	GCA	CTC	GAG	ACG	TAC	CAG	627
	Thr	Ala	Val	Val	Trp	Asn	Gly	Thr	Thr	Tyr	Ala	Leu	Glu	Thr	Tyr	Gln	
					190					195					200		
5	CGC	AAC	GAT	CCT	CGG	ATC	ACC	CCA	CTG	CTC	ACC	AAC	CTC	GGG	CGC	TGC	675
	Arg	Asn	Asp	Pro	Arg	Ile	Thr	Pro	Leu	Leu	Thr	Asn	Leu	Gly	Arg	Cys	
				205					210					215			
10	TTC	CTG	ACC	TCG	GTG	ACG	ATG	CAG	GCC	GGC	CCC	AAC	TTC	CGT	CAG	CGG	723
	Phe	Leu	Thr	Ser	Val	Thr	Met	Gln	Ala	Gly	Pro	Asn	Phe	Arg	Gln	Arg	
				220				225						230			
15	TGC	CAG	AGC	TAC	ACC	GAC	ATC	CCG	TGG	CGG	GAA	CTG	TTC	GCG	CCG	AAG	771
	Cys	Gln	Ser	Tyr	Thr	Asp	Ile	Pro	Trp	Arg	Glu	Leu	Phe	Ala	Pro	Lys	
		235					240					245					
20	GGC	GCC	GAC	GGC	CGC	ACG	TTC	GAG	AAG	TTC	GTC	GCG	GAA	TCG	GGC	GGC	819
	Gly	Ala	Asp	Gly	Arg	Thr	Phe	Glu	Lys	Phe	Val	Ala	Glu	Ser	Gly	Gly	
		250				255					260					265	
25	GCC	GAG	GCG	ATC	TGG	TAC	CCG	TTC	ACC	GAG	AAG	CCG	TGG	ATG	AAG	GTG	867
	Ala	Glu	Ala	Ile	Trp	Tyr	Pro	Phe	Thr	Glu	Lys	Pro	Trp	Met	Lys	Val	
					270						275				280		
30	TGG	ACG	GTC	TCG	CCG	ACC	AAG	CCG	GAC	TCG	TCG	AAC	GAG	GTC	GGA	AGC	915
	Trp	Thr	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Pro	Asp	Ser	Ser	Asn	Glu	Val	Gly	Ser	
				285					290					295			
35	CTC	GGC	TCG	GCG	GGC	TCC	CTC	GTC	GGC	AAG	CCT	CCG	CAG	GCG	CGT	GAG	963
	Leu	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Leu	Val	Gly	Lys	Pro	Pro	Gln	Ala	Arg	Glu	
				300				305					310				
40	GTC	TCC	GGC	CCG	TAC	AAC	TAC	ATC	TTC	TCC	GAC	AAC	CTG	CCG	GAG	CCC	1011
	Val	Ser	Gly	Pro	Tyr	Asn	Tyr	Ile	Phe	Ser	Asp	Asn	Leu	Pro	Glu	Pro	
				315			320					325					
45	ATC	ACC	GAC	ATG	ATC	GGC	GCC	ATC	AAC	GCC	GGA	AAC	CCC	GGA	ATC	GCA	1059
	Ile	Thr	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ala	Gly	Asn	Pro	Gly	Ile	Ala	
					335					340					345		
50	CCG	CTG	TTC	GGC	CCG	GCG	ATG	TAC	GAG	ATC	ACC	AAG	CTC	GGG	CTG	GCC	1107
	Pro	Leu	Phe	Gly	Pro	Ala	Met	Tyr	Glu	Ile	Thr	Lys	Leu	Gly	Leu	Ala	
					350					355					360		
55	GCG	ACG	AAT	GCC	AAC	GAC	ATC	TGG	GGC	TGG	TCG	AAG	GAC	GTC	CAG	TTC	1155
	Ala	Thr	Asn	Ala	Asn	Asp	Ile	Trp	Gly	Trp	Ser	Lys	Asp	Val	Gln	Phe	
				365				370						375			
60	TAC	ATC	AAG	GCC	ACG	ACG	TTG	CGA	CTC	ACC	GAG	GGC	GGC	GGC	GCC	GTC	1203
	Tyr	Ile	Lys	Ala	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Thr	Glu	Gly	Gly	Gly	Ala	Val	
				380			385						390				
65	GTC	ACG	AGC	CGC	GCC	AAC	ATC	GCG	ACC	GTG	ATC	AAC	GAC	TTC	ACC	GAG	1251
	Val	Thr	Ser	Arg	Ala	Asn	Ile	Ala	Thr	Val	Ile	Asn	Asp	Phe	Thr	Glu	
				395			400					405					
70	TGG	TTC	CAC	GAG	CGC	ATC	GAG	TTC	TAC	CGC	GCG	AAG	GGC	GAG	TTC	CCG	1299
	Trp	Phe	His	Glu	Arg	Ile	Glu	Phe	Tyr	Arg	Ala	Lys	Gly	Glu	Phe	Pro	
						415					420					425	
75	CTC	AAC	GGT	CCG	GTC	GAG	ATC	CGC	TGC	TGC	GGG	CTC	GAT	CAG	GCA	GCC	1347
	Leu	Asn	Gly	Pro	Val	Glu	Ile	Arg	Cys	Cys	Gly	Leu	Asp	Gln	Ala	Ala	
					430					435					440		

5 GAC GTC AAG GTG CCG TCG GTG GGC CCG CCG ACC ATC TCG GCG ACC CGT 1395
 Asp Val Lys Val Pro Ser Val Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg
 445 450 455
 CCG CGT CCG GAT CAT CCG GAC TGG GAC GTC GCG ATC TGG CTG AAC GTT 1443
 Pro Arg Pro Asp His Pro Asp Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val
 460 465 470
 10 CTC GGT GTT CCG GGC ACC CCC GGC ATG TTC GAG TTC TAC CGC GAG ATG 1491
 Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met
 475 480 485
 GAG CAG TGG ATG CCG AGC CAC TAC AAC AAC GAC GAC GCC ACC TTC CGG 1539
 Glu Gln Trp Met Arg Ser His Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg
 490 495 500 505
 15 CCC GAG TGG TCG AAG GGG TGG GCG TTC GGT CCC GAC CCG TAC ACC GAC 1587
 Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp
 510 515 520
 AAC GAC ATC GTC ACG AAC AAG ATG CGC GCC ACC TAC ATC GAA GGT GTC 1635
 Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val
 525 530 535
 CCG ACG ACC GAG AAC TGG GAC ACC GCG CGC GCT CCG TAC AAC CAG ATC 1683
 Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile
 540 545 550
 25 GAC CCG CAT CGC GTG TTC ACC AAC GGA TTC ATG GAC AAG CTG CTT CCG 1731
 Asp Pro His Arg Val Phe Thr Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 555 560 565

30

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

35

(A) LANGE: 569 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

40

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

45

50

55

Met Val Met His His Gly His Ala Ser Thr Gly Pro Val Ala Pro Leu
 1 5 10 15
 5 Pro Thr Pro Pro Asn Phe Pro Asn Asp Ile Ala Leu Phe Gln Gln Ala
 20 25 30
 Tyr Gln Asn Trp Ser Lys Glu Ile Met Leu Asp Ala Thr Trp Val Cys
 35 40 45
 10 Ser Pro Lys Thr Pro Gln Asp Val Val Arg Leu Ala Asn Trp Ala His
 50 55 60
 Glu His Asp Tyr Lys Ile Arg Pro Arg Gly Ala Met His Gly Trp Thr
 65 70 75 80
 15 Pro Leu Thr Val Glu Lys Gly Ala Asn Val Glu Lys Val Ile Leu Ala
 85 90 95

20

25

30

35

40

45

50

55

Asp Thr Met Thr His Leu Asn Gly Ile Thr Val Asn Thr Gly Gly Pro
 100 105 110
 5 Val Ala Thr Val Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ser Ile Glu Ala Ile Val
 115 120 125
 Thr Glu Leu Gln Lys His Asp Leu Gly Trp Ala Asn Leu Pro Ala Pro
 130 135 140
 10 Gly Val Leu Ser Ile Gly Gly Ala Leu Ala Val Asn Ala His Gly Ala
 145 150 155 160
 Ala Leu Pro Ala Val Gly Gln Thr Thr Leu Pro Gly His Thr Tyr Gly
 165 170 175
 15 Ser Leu Ser Asn Leu Val Thr Glu Leu Thr Ala Val Val Trp Asn Gly
 180 185 190
 Thr Thr Tyr Ala Leu Glu Thr Tyr Gln Arg Asn Asp Pro Arg Ile Thr
 195 200 205
 20 Pro Leu Leu Thr Asn Leu Gly Arg Cys Phe Leu Thr Ser Val Thr Met
 210 215 220
 Gln Ala Gly Pro Asn Phe Arg Gln Arg Cys Gln Ser Tyr Thr Asp Ile
 225 230 235 240
 25 Pro Trp Arg Glu Leu Phe Ala Pro Lys Gly Ala Asp Gly Arg Thr Phe
 245 250 255
 Glu Lys Phe Val Ala Glu Ser Gly Gly Ala Glu Ala Ile Trp Tyr Pro
 260 265 270
 30 Phe Thr Glu Lys Pro Trp Met Lys Val Trp Thr Val Ser Pro Thr Lys
 275 280 285
 Pro Asp Ser Ser Asn Glu Val Gly Ser Leu Gly Ser Ala Gly Ser Leu
 290 295 300
 35 Val Gly Lys Pro Pro Gln Ala Arg Glu Val Ser Gly Pro Tyr Asn Tyr
 305 310 315 320
 Ile Phe Ser Asp Asn Leu Pro Glu Pro Ile Thr Asp Met Ile Gly Ala
 325 330 335
 40 Ile Asn Ala Gly Asn Pro Gly Ile Ala Pro Leu Phe Gly Pro Ala Met
 340 345 350
 Tyr Glu Ile Thr Lys Leu Gly Leu Ala Ala Thr Asn Ala Asn Asp Ile
 355 360 365
 45 Trp Gly Trp Ser Lys Asp Val Gln Phe Tyr Ile Lys Ala Thr Thr Leu
 370 375 380
 Arg Leu Thr Glu Gly Gly Gly Ala Val Val Thr Ser Arg Ala Asn Ile
 385 390 395 400
 50 Ala Thr Val Ile Asn Asp Phe Thr Glu Trp Phe His Glu Arg Ile Glu
 405 410 415
 Phe Tyr Arg Ala Lys Gly Glu Phe Pro Leu Asn Gly Pro Val Glu Ile
 420 425 430

Arg Cys Cys Gly Leu Asp Gln Ala Ala Asp Val Lys Val Pro Ser Val
 435 440 445
 5 Gly Pro Pro Thr Ile Ser Ala Thr Arg Pro Arg Pro Asp His Pro Asp
 450 455 460
 Trp Asp Val Ala Ile Trp Leu Asn Val Leu Gly Val Pro Gly Thr Pro
 10 465 470 475 480
 Gly Met Phe Glu Phe Tyr Arg Glu Met Glu Gln Trp Met Arg Ser His
 485 490 495
 Tyr Asn Asn Asp Asp Ala Thr Phe Arg Pro Glu Trp Ser Lys Gly Trp
 15 500 505 510
 Ala Phe Gly Pro Asp Pro Tyr Thr Asp Asn Asp Ile Val Thr Asn Lys
 515 520 525
 Met Arg Ala Thr Tyr Ile Glu Gly Val Pro Thr Thr Glu Asn Trp Asp
 20 530 535 540
 Thr Ala Arg Ala Arg Tyr Asn Gln Ile Asp Pro His Arg Val Phe Thr
 545 550 555 560
 Asn Gly Phe Met Asp Lys Leu Leu Pro
 25 565

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 30:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 36 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

40 TCGCATGCCT CGACGGGCCC GGTGGCGCCG CTTCGG 36

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 31:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 25 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

55 CGTGCTTCTG CAGTTCGGTG ACGAT 25

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
- (A) LANGE: 39 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure-
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:
- TCCCATGGCA CACAGGAAAC ATCGATGACC ATGATTACG**
- (2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 33:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
- (A) LÄNGE: 25 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:
- CGTGCTTCTG CAGTTCGGTG ACGAT**
- (2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 34:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
- (A) LÄNGE: 18 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:
- CGATGCACCA TGGGCATG**
- Patentansprüche**
- Aktive Cholesterinoxidase, **dadurch gekennzeichnet, daß** sie die in SEQ ID NO 2 gezeigte Aminosäuresequenz aufweist.
 - DNA, welche für ein Peptid mit Cholesterinoxidase-Aktivität kodiert mit der in SEQ ID NO 1 gezeigten DNA-Sequenz oder der dazu komplementären DNA-Sequenz.
 - Verfahren zur Herstellung einer rekombinanten Cholesterinoxidase durch Transformation einer geeigneten Wirtszelle mit einer DNA gemäß Anspruch 2, welche in einem geeigneten Expressionssystem kloniert vorliegt, Kultivierung der transformierten Wirtszellen und Isolierung der exprimierten Cholesterinoxidase aus dem Zytoplasma der transformierten Zellen.
 - Verfahren gemäß Anspruch 3, **dadurch gekennzeichnet, daß** die verwendeten DNA am 5'-Ende eine der in SEQ

ID NO 6, 8, 10, 12, 14 oder 16 gezeigten Sequenzen aufweist.

5. DNA gemäß Anspruch 2, **dadurch gekennzeichnet, daß** sie am 5'-Ende eine der in SEQ ID NO 6, 8, 10, 12, 14 oder 16 gezeigten Sequenzen aufweist.
6. DNA gemäß Anspruch 5, **dadurch gekennzeichnet, daß** sie eine der in SEQ ID NO 18, 20, 22, 24, 26 oder 28 gezeigten Sequenzen aufweist.
7. Rekombinante Cholesterinoxidase, **dadurch gekennzeichnet, daß** sie von einer DNA gemäß Anspruch 2 kodiert wird und am N-terminalen Ende eine der in SEQ ID NO 7, 9, 11, 13, 15 oder 17 gezeigten Sequenzen aufweist.
8. Rekombinante Cholesterinoxidase gemäß Anspruch 7, **dadurch gekennzeichnet, daß** sie eine der in SEQ ID NO 21, 23, 25, 27 und 29 gezeigten Sequenzen aufweist.
9. Verwendung einer rekombinanten Cholesterinoxidase gemäß einem der Ansprüche 7 oder 8 in einem enzymatischen Test zur Bestimmung von Cholesterin.

Claims

1. Active cholesterol oxidase, **characterized in that** it has the amino acid sequence shown in SEQ ID NO 2.
2. DNA which codes for a peptide with cholesterol oxidase activity having the DNA sequence shown in SEQ ID NO 1 or the DNA sequence which is complementary thereto.
3. Process for the production of a recombinant cholesterol oxidase by transformation of a suitable host cell with a DNA as claimed in claim 2 which is present cloned in a suitable expression system, culturing the transformed host cells and isolating the expressed cholesterol oxidase from the cytoplasm of the transformed cells.
4. Process as claimed in claim 3, **characterized in that** the DNA used has one of the sequences shown in SEQ ID NO 6, 8, 10, 12, 14 or 16 at the 5' end.
5. DNA as claimed in claim 2, **characterized in that** it has one of the sequences shown in SEQ ID NO 6, 8, 10, 12, 14 or 16 at the 5' end.
6. DNA as claimed in claim 5, **characterized in that** it has one of the sequences shown in SEQ ID NO 18, 20, 22, 24, 26 or 28.
7. Recombinant cholesterol oxidase, **characterized in that** it is coded by a DNA as claimed in claim 2 and has one of the sequences shown in SEQ ID NO 7, 9, 11, 13, 15 or 17 at the N-terminal end.
8. Recombinant cholesterol oxidase as claimed in claim 7, **characterized in that** it has one of the sequences shown in SEQ ID NO 21, 23, 25, 27 or 29.
9. Use of a recombinant cholesterol oxidase as claimed in one of the claims 7 or 8 in an enzymatic test for the determination of cholesterol.

Revendications

1. Cholestérol oxydase active, **caractérisée en ce qu'elle** présente la séquence d'acides aminés représentée dans SEQ ID NO: 2.
2. ADN qui code pour un peptide possédant une activité de cholestérol oxydase comprenant la séquence d'ADN représentée dans SEQ ID NO: 1 ou la séquence d'ADN complémentaire à celle-ci.
3. Procédé pour la préparation d'une cholestérol oxydase recombinante par transformation d'une cellule hôte appropriée avec un ADN selon la revendication 2, qui est présent à l'état cloné dans un système d'expression approprié,

par mise en culture des cellules hôtes transformées et par isolation de la cholestérol oxydase exprimée à partir du cytoplasme des cellules transformées.

- 5 4. Procédé selon la revendication 3, **caractérisé en ce que** l'ADN utilisé présente, à l'extrémité 5', une des séquences représentées dans SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14 ou 16.
- 5 5. ADN selon la revendication 2, **caractérisé en ce qu'il** présente, à son extrémité 5', une des séquences représentées dans SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14 ou 16.
- 10 6. ADN selon la revendication 5, **caractérisé en ce qu'il** présente une des séquences représentées dans SEQ ID NO: 18, 20, 22, 24, 26 ou 28.
- 15 7. Cholestérol oxydase recombinante, **caractérisée en ce qu'elle** est encodée par un ADN selon la revendication 2 et **en ce qu'elle** présente, à son extrémité amino terminale, une des séquences représentées dans SEQ ID NO: 7, 9, 11, 13, 15 ou 17.
8. Cholestérol oxydase recombinante selon la revendication 7, **caractérisé en ce qu'elle** présente une des séquences représentées dans SEQ ID NO: 21, 23, 25, 27 et 29.
- 20 9. Utilisation d'une cholestérol oxydase recombinante selon l'une quelconque des revendications 7 ou 8, dans un test enzymatique pour la détermination de cholestérol.

25

30

35

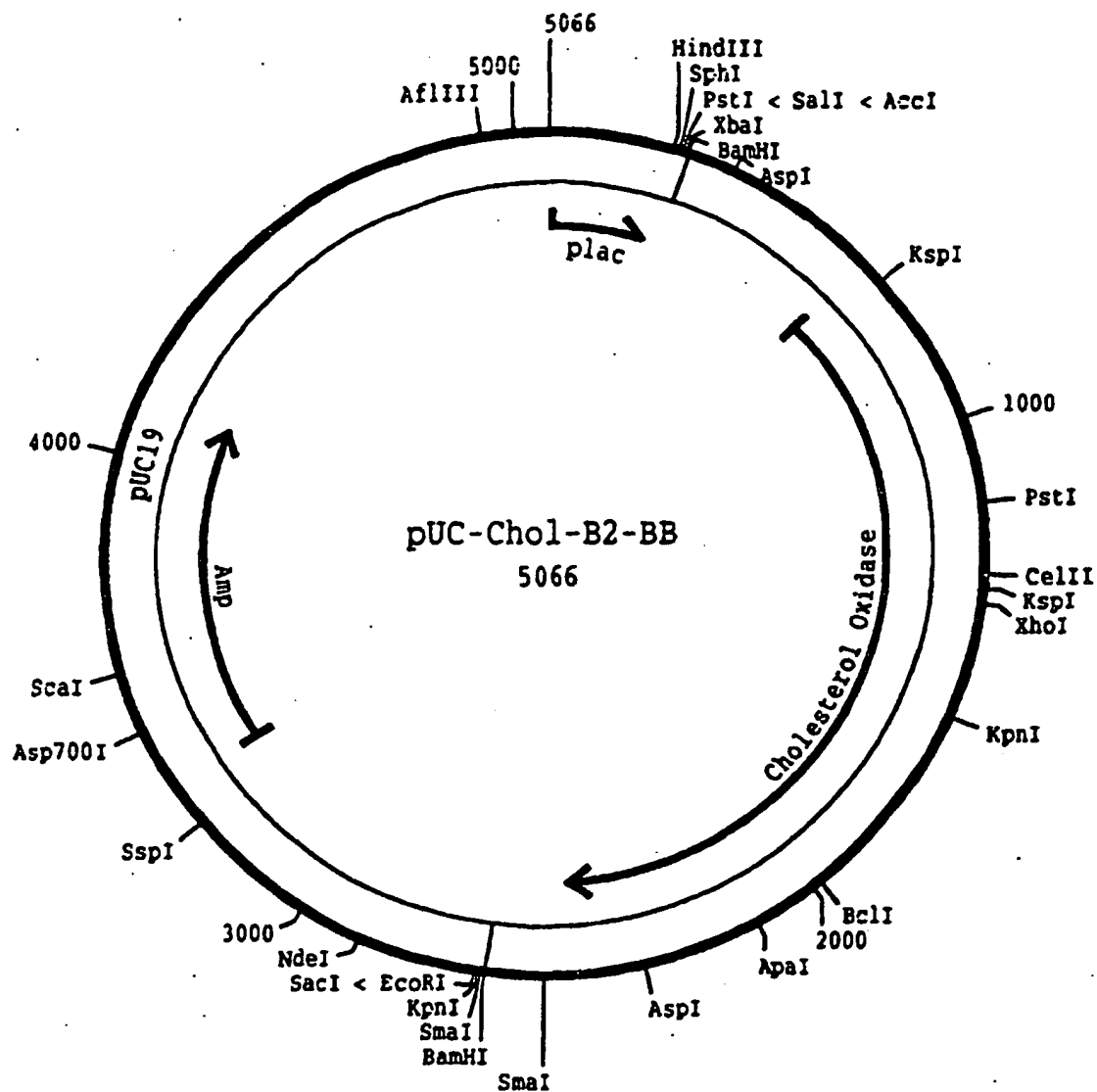
40

45

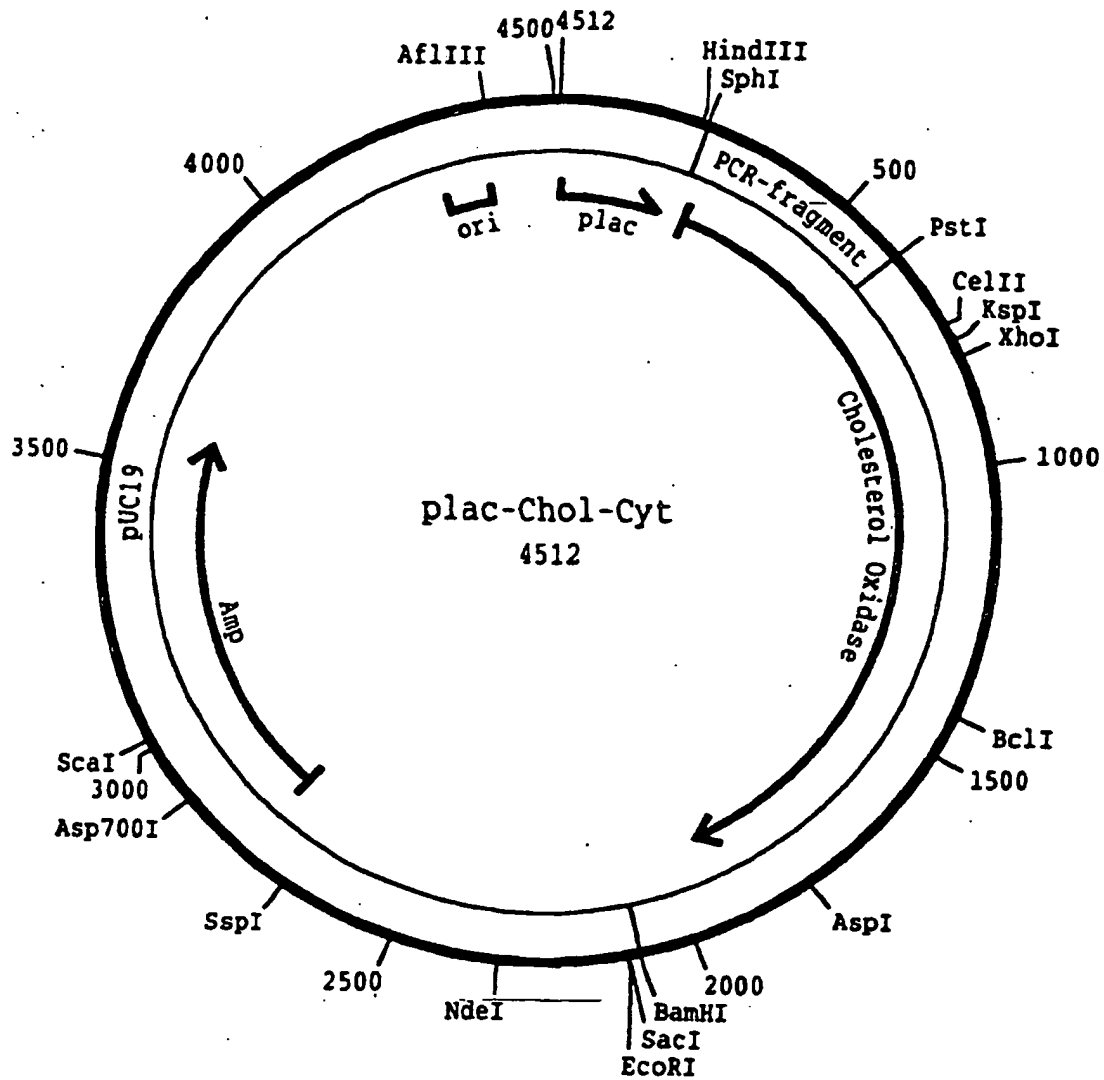
50

55

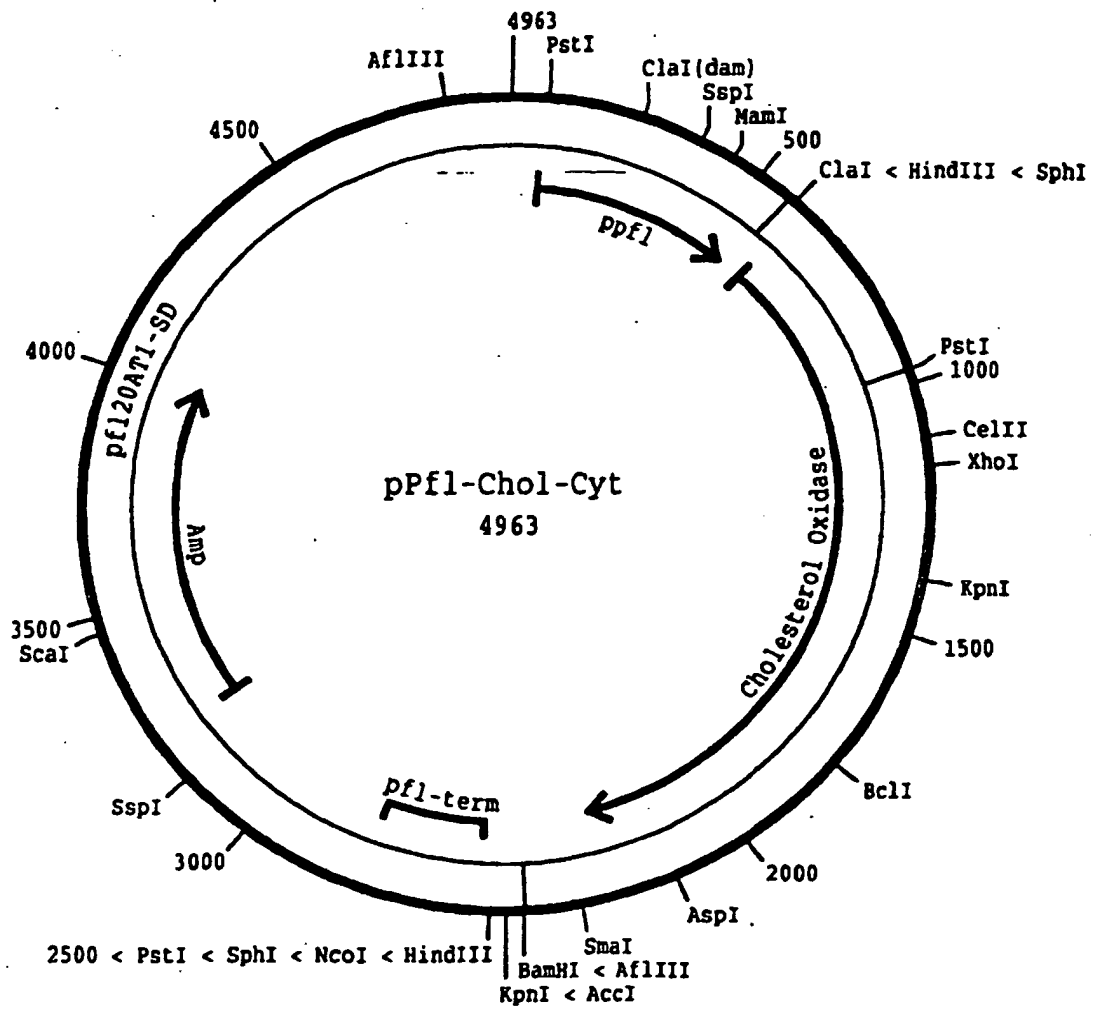
Figur 1



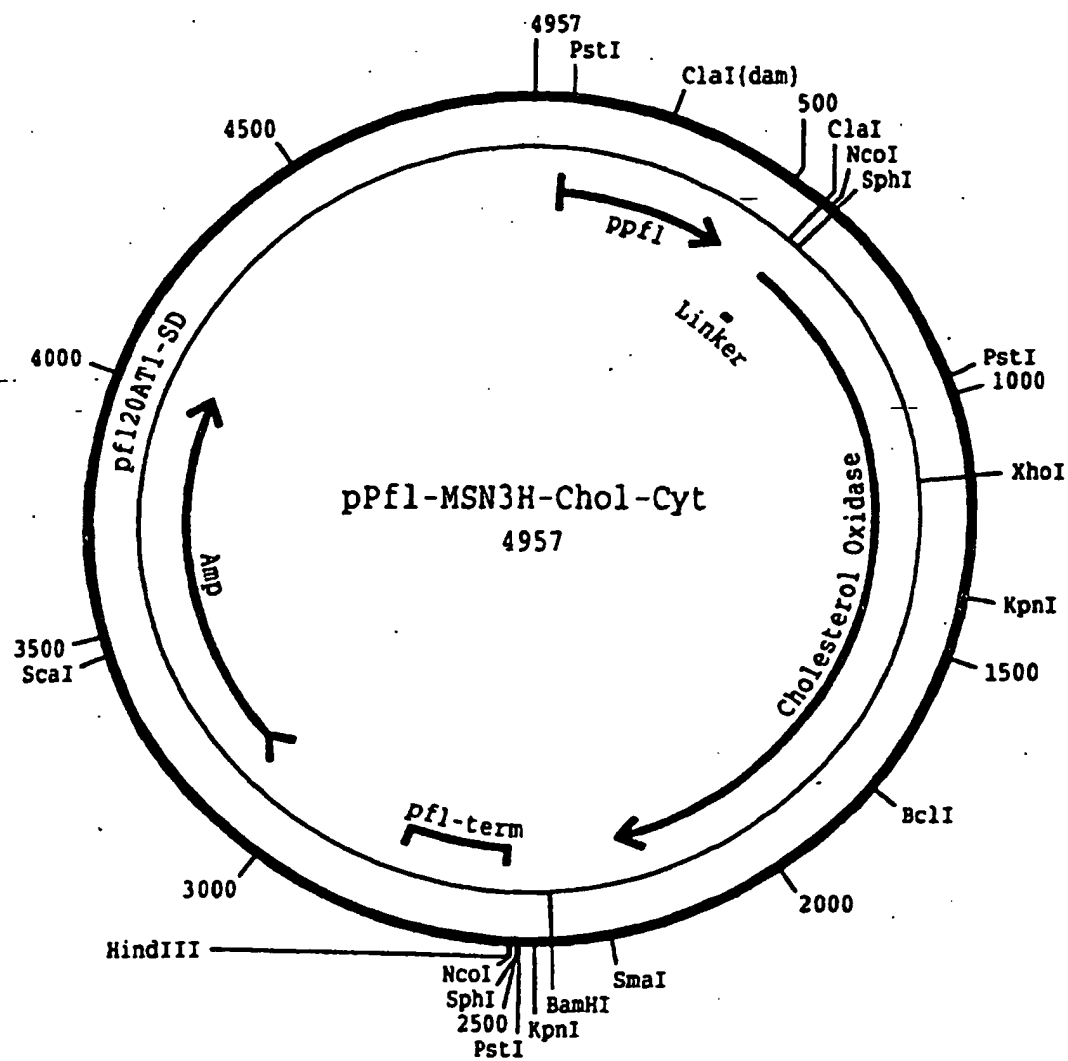
Figur 2



Figur 3



Figur 4





PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(11) Publication number: **03024057 A**(43) Date of publication of application: **01.02.91**

(51) Int. Cl.

C07D211/40
A61K 31/445(21) Application number: **01158162**(22) Date of filing: **22.06.89**(71) Applicant: **TOSOH CORP**(72) Inventor: **NAKANO KOICHI**
HASHIMOTO HIRONOBU**(54) POLYHYDROXYPIPERIDINES AND PRODUCTION THEREOF**

(57) Abstract:

NEW MATERIAL: Compounds of formula I (R_1 is H or methyl; One of R_2 and R_3 is H and the other is OH).

EXAMPLE:

2-O-Benzyl-3,4,6-tri-O-acetyl-5-O-trimethylsilyl-D-allono nitrile.

USE: A glycosidase inhibitor.

PREPARATION: A ribofuranoside derivative of formula II [One of R_4 and R_5 is H and the other is alkoxy or formula III (X is R, CH_3 , OCH_3 or Cl)]; One of R_6 and R_7 is H and the other is acyloxy, etc.; R_8 is acyloxy, etc.; R_9 is acyloxy, azide, etc.] and an arabinofuranoside derivative are reacted with cyanotrimethylsilane in the presence of a Lewis acid and the resultant compound is then subjected to ring opening and carbon increase to obtain a compound of formula IV. The trimethylsilyl group of the resultant compound is substituted for a suitable elimination group and the cyano group thereof is subjected to ring closure by reduction to obtain a compound of formula V. Protective groups of the obtained compound of formula V are

removed by a catalytic reduction, thus obtaining the objective compound of formula I.

COPYRIGHT: (C)1991,JPO&Japio

